

## **Forschungsbericht**

**Nr. 142**

Identifikation von als erhaltungswerter  
pflanzengenetischer Ressource (PgR) angebautem  
Getreide anhand von morphologischen Merkmalen und  
molekularen Markern (Mikrosatelliten)

Verfasser:

Tobias Reetz

Jens Léon

**Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES)**  
**Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung**

**Herausgeber:** Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standort-gerechte Landwirtschaft“, Landwirtschaftliche Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Meckenheimer Allee 172, 53115 Bonn  
Tel.: 0228 – 73 2285; Fax.: 0228 – 73 1776  
www.usl.uni-bonn.de

Forschungsvorhaben im Auftrag des Ministeriums für Umwelt und Naturschutz, Landwirtschaft und Verbraucherschutz des Landes Nordrhein-Westfalen  
Bonn, Mai 2007

ISSN 1610-2460

**Projektleitung:** Prof. Dr. Jens Léon

**Projektbearbeiter:** Tobias Carsten Reetz (Diplom-Biologe)

Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES)  
Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Katzenburgweg 5,  
D-53115 Bonn

**Zitervorschlag:**

REETZ, T. (2006): Identifikation von als erhaltungswerter pflanzengenetischer Ressource (PgR) angebautem Getreide anhand von morphologischen Merkmalen und molekularen Markern (Mikrosatelliten). Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL, Nr. 142, 118 Seiten.

## INHALTSVERZEICHNIS

<b>1. EINLEITUNG.....</b>	<b>1</b>
1.1 TAXONOMISCHE EINORDNUNG DER KULTURARTEN .....	1
1.1.1 GERSTE ( <i>HORDEUM VULGARE L.</i> ).....	2
1.1.2 WEIZEN ( <i>TRITICUM AESTIVUM L.</i> ).....	2
1.1.3 ROGGEN ( <i>SECALE CEREALE</i> ) .....	3
1.2 DER GENPOOL DER GETREIDEARTEN .....	4
1.3 URSPRUNG UND DOMESTIKATION DER KULTURPFLANZEN.....	5
1.4 KULTURPFLANZENZÜCHTUNG IN DEUTSCHLAND.....	6
1.5 DIE GENETISCHE DIVERSITÄT, DISTANZ- UND ÄHNLICHKEITSMASSE.....	7
1.6 DIE ENTWICKLUNG DER GENETISCHEN DIVERSITÄT DER KULTURPFLANZEN.....	8
1.7 MARKERSYSTEME ZUR EVALUIERUNG DER GENETISCHEN DIVERSITÄT IN KULTURPFLANZEN .....	9
1.8 ZIELE DER ARBEIT.....	11
<b>2. MATERIAL UND METHODEN .....</b>	<b>12</b>
2.1 PHÄNOTYPISCHE MERKMALSERHEBUNG.....	12
2.1.1 PFLANZENMATERIAL .....	12
2.1.2 STANDORT.....	13
2.1.3 VERSUCHSANLAGE UND AUSSAAT.....	15
2.1.4 MERKMALSBONITUREN UND ERNTE.....	15
2.2 MOLEKULARBIOLOGISCHE MERKMALSERHEBUNG .....	22
2.2.1 ISOLIERUNG VON GENOMISCHER DNA AUS GERSTENBLATTMATERIAL.....	22
2.2.2 MIKROSATELLITEN-MARKER (SSR-MARKER).....	24
2.2.3 AMPLIFIKATION VON SPEZIFISCHEN DNA-FRAGMENTEN MITTELS POLYMERASE-KETTEN- REAKTION (PCR) .....	32
2.2.4 AUFTRENNUNG DER AMPLIFIKATIONSPRODUKTE AM SEQUENZIERAUTOMATEN.....	33
2.2.5 AUSWERTUNG DES BANDENMUSTERS DER AMPLIFIZIERTEN ALLELE .....	34
2.3 VERFAHREN ZUR STATISTISCHEN AUSWERTUNG DER VERSUCHSERGEBNISSE.....	35
2.3.1 ERMITTLUNG DES COEFFICIENT OF PARENTAGE (COP-VALUE).....	35
2.3.2 INFORMATIONSGEHALT VON MOLEKULAREN MARKERN – DER „POLYMORPHIC INFORMATION CONTENT“ (PIC-VALUE) .....	35
2.3.3 UNTERSUCHUNG DER EINDEUTIGEN IDENTIFIKATION UND SSR-MARKERANALYSE MIT HILFE DER SOFTWARE NTSYSPC VERS. 2.021 .....	36
2.3.4 CLUSTERANALYSE.....	37
2.3.5 HAUPTKOORDINATENANALYSE (PCOA, PRINCIPAL COORDIANTE ANALYSIS).....	37

<b>3. ERGEBNISSE</b> .....	<b>39</b>
3.1 EINDEUTIGE IDENTIFIKATION DER 19 WINTERGERSTENSORTEN MIT HILFE DER SSR-MARKER- TECHNIK.....	39
3.2 SSR-MARKER ZUR EINDEUTIGEN IDENTIFIKATION DER 19 WINTERGERSTENSORTEN .....	43
3.3 EINDEUTIGE IDENTIFIKATION DER 45 SOMMERGERSTENSORTEN MIT HILFE DER SSR-MARKER- TECHNIK.....	44
3.4 SSR-MARKER ZUR EINDEUTIGEN IDENTIFIKATION DER 45 SOMMERGERSTENSORTEN .....	48
3.5 MARKER ZUR IDENTIFIZIERUNG DER GERSTENSORTEN .....	48
3.6 EINDEUTIGE IDENTIFIKATION DER 15 WINTERWEIZENSORTEN MIT HILFE DER SSR-MARKER- TECHNIK.....	50
3.7 SSR-MARKER ZUR EINDEUTIGEN IDENTIFIKATION DER 15 WINTERWEIZENSORTEN.....	53
3.8 EINDEUTIGE IDENTIFIKATION DER 13 SOMMERWEIZENSORTEN MIT HILFE DER SSR-MARKER- TECHNIK.....	53
3.9 SSR-MARKER ZUR EINDEUTIGEN IDENTIFIKATION DER 13 SOMMERWEIZENSORTEN .....	57
3.10 MARKER ZUR IDENTIFIZIERUNG DER GERSTENSORTEN .....	57
3.11 IDENTIFIZIERUNG DER GETREIDESORTEN AUF BASIS MORPHOLOGISCHER MERKMALE.....	59
3.12 SORTENBESCHREIBUNGEN .....	61
<b>4. DISKUSSION</b> .....	<b>107</b>
<b>5. LITERATURVERZEICHNIS</b> .....	<b>108</b>
<b>6. ABBILDUNGSVERZEICHNIS</b> .....	<b>111</b>
<b>7. TABELLENVERZEICHNIS</b> .....	<b>112</b>
<b>8. ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS</b> .....	<b>113</b>
<b>9. ANHANG</b> .....	<b>114</b>
<b>10. KONSEQUENZEN FÜR EVENTUELLE WEITERE FORSCHUNGSAKTIVITÄTEN</b> <b>117</b>	
<b>11. DANKSAGUNG</b> .....	<b>118</b>

## 1. Einleitung

Genetische Diversität ist der Motor einer erfolgsversprechenden und zukunftsorientierten Pflanzenzüchtung. In dieser Diversität liegt das Potential, um auf in Zukunft die Versorgung der Weltbevölkerung mit den notwendigen Nahrungsmitteln gewährleisten zu können.

Durch intensive Bemühungen der Pflanzenzüchtung konnten im Verlauf des 20. Jahrhunderts signifikante Fortschritte erzielt werden. Dieser Fortschritt wurde dadurch „erkauft“, dass die genetische Diversität in den Genpools der verschiedenen Kulturarten stark abnahm und es somit zu einer höheren genetischen Uniformität kam. Die Nutzpflanzen wurden darauf hin zum einen „verwundbar“ und zum anderen kam es zu einer genetischen Erosion der ursprünglich in den Wildformen und alten Landsorten vorhandenen genetischen Diversität (Lee 1998).

Diese Konsequenzen eines beschränkten Genpools konnten in der Vergangenheit eindrucksvoll verfolgt werden. So wurde z.B. im Jahr 1970 in den USA die Landwirtschaft durch die Blattfleckenkrankheit bei Mais um mehrere Millionen US-\$ geschädigt (Horsfall 1972).

Zukünftige Ereignisse könnten noch katastrophaler ablaufen, wenn nicht Schritte unternommen werden, den gefährlichen Trend zur genetischen Erosion und somit zu einer Uniformität der Kulturpflanzen umzukehren. Hinzu kommt, dass die genetische Erosion bei den Kulturpflanzen auch die Schuld an einer Verlangsamung des pflanzenzüchterischen Fortschritts trüge (Lee 1998).

### 1.1 Taxonomische Einordnung der Kulturarten

Im Folgenden soll ein kurzer Überblick über die verschiedenen Kulturarten gegeben werden, die im Rahmen des Projektes untersucht wurden. Zu diesen Kulturarten zählen:

- Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*)
- Weizen (*Triticum aestivum* L.)
- Dinkel (*Triticum aestivum* ssp. *spelta* (L.) Thell.)
- Einkorn (*Triticum monococcum* L.)
- Emmer (*Triticum dicoccum* Schübler)
- Roggen (*Secale cereale*)

### 1.1.1 Gerste (*Hordeum vulgare* L.)

Die Kulturgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) gehört, zusammen mit Weizen (*Triticum aestivum* L.), Roggen (*Secale cereale* L.) und anderen bedeutenden Grünfütterpflanzen, wie z.B. dem Weizengras (*Agropyron cristatum* (L.) Gaertn.), zur Unterfamilie der Triticeae (Tabelle 1.1). Viele der heutigen Getreidearten, welche die Nahrungsgrundlage der Menschheit in weiten Teilen der Erde darstellen, sind aus dieser Unterfamilie der Poaceae hervorgegangen.

Die wirtschaftliche Bedeutung von Gerste ist geringer als die der Getreidearten Weizen, Mais und Reis. Die Kornerträge der Gerste werden überwiegend als Futtergetreide verwendet, da insbesondere die Wintergerste relativ viel Eiweiß (12–15 %) enthält. Für die menschliche Ernährung können aus Gerste Grütze bzw. Graupen hergestellt werden; gelegentlich wird auch Mehl erzeugt. Ein erheblicher Anteil der zweizeiligen Sommergerste dient der Biererzeugung. Hier sollten deren Körner relativ wenig Eiweiß und viele Kohlenhydrate enthalten.

**Tabelle 1.1 Systematik der Gerste (*Hordeum vulgare*)**

Ordnung:	<b>Poales</b> (ca. 8000 – 9000 Arten!)
Familie:	<b>Poaceae</b> (Süßgräser)
Unterfamilie:	Triticeae
Untergruppe:	Hordeinae
Gattung:	Hordeum
Arten/Formen:	<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>vulgare</i> (Kulturgerste) <i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i> (Wildgerste)

### 1.1.2 Weizen (*Triticum aestivum* L.)

Mit Weizen wird eine Reihe von Arten der Süßgräser (Poaceae) in der Gattung *Triticum* L. bezeichnet. Er wird ca. 0,5 bis 1m hoch, der Halm ist rundlich. Von der Gesamterscheinung wirkt er dunkelgrün und die Ähre gedrunen. Morphologisches Unterscheidungsmerkmal sind die kurzen bewimperten Blattöhrchen, die, im Gegensatz zur Gerste, den Halm nicht umschließen. Das Blatthäutchen ist mittelgroß und gezähnt. Die Früchte werden, wie bei der Gerste, botanisch als „einsamige Schließfrüchte“ (Karyopsen) bezeichnet. Etymologisch leitet sich *Weizen* vom „Weiß“ des Produkts dieses Getreides, dem Weißmehl, ab.

Die verschiedenen Arten des Weizen stellen das zweitmeistangebaute Getreide der Welt dar (nach dem Mais und gefolgt vom Reis). Er wird auf allen Kontinenten angebaut; wichtige Anbauländer sind die Vereinigten Staaten von Amerika, Kanada, Russland, Australien und Argentinien. Weizen ist für Menschen in vielen Ländern ein Grundnahrungsmittel (Brotgetreide)

und hat eine große Bedeutung in der Tierfütterung. Hartweizen ist besonders für die Herstellung von Teigwaren (Hartweizengrieß) geeignet – wird aber in Deutschland so gut wie nicht angebaut.

Weizen ist an trockene und warme Sommer angepasst. Eine moderne Kreuzung aus Weizen und Roggen, Triticale, erlaubt den Anbau in kühleren Klimazonen. Die gesamte Erntemenge weltweit 2004 betrug 624 Mio. t.

**Tabelle 1.2 Systematik des Weizen (*Triticum aestivum* L.)**

Ordnung:	<b>Poales</b> (ca. 8000 – 9000 Arten!)
Familie:	<b>Poaceae</b> (Süßgräser)
Unterfamilie:	Triticeae
Gattung:	Triticum
Arten/Formen:	<i>Triticum aestivum</i> ssp. <i>aestivum</i> (L.) (Weichweizen) <i>Triticum aestivum</i> ssp. <i>spelta</i> (L.) Thell. (Dinkel) <i>Triticum monococcum</i> L (Einkorn) <i>Triticum dicoccum</i> Schübler (Emmer)

### 1.1.3 Roggen (*Secale cereale*)

Roggen (*Secale cereale*), eine der Arten von Roggen (*Secale*) ist eine in gemäßigten Breiten verbreitete Getreideart. Roggen ist besser an kühle und trockene Klimate angepasst als Weizen. Er ist keines der klassischen Getreide der Antike. Man vermutet seinen Ursprung vor 2000 bis 3000 Jahren als „Unkraut“ in Weizenfeldern Kleinasiens, wo es im Mischanbau verbreitet wurde. Roggen wird besonders in Mittel- und Osteuropa als Brotgetreide verwendet.

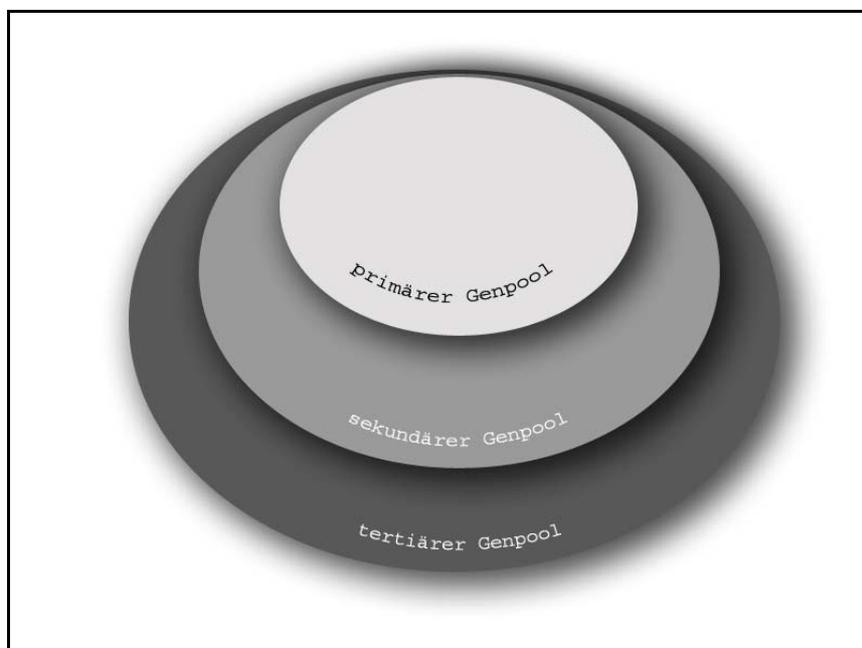
In Deutschland wird Roggen vor allem in der Tierernährung als Futter und als Brotgetreide eingesetzt. Hier wurden im Jahr 2004 von 635.000 ha 3,9 Mio. t Roggen geerntet. Davon wurden u.a. 706.000 t Brotmehl hergestellt. Seit 2004/05 wird Roggen jedoch auch als Grundlage für die Herstellung von Bioethanol angebaut. Roggen wird auch zur Alkoholherstellung verwendet. Beispielsweise werden verschiedene Wodkasorten aus Roggen hergestellt.

**Tabelle 1.3 Systematik des Roggens (*Secale cereale* L.)**

Ordnung:	<b>Poales</b> (ca. 8000 – 9000 Arten!)
Familie:	<b>Poaceae</b> (Süßgräser)
Unterfamilie:	Pooideae
Gattung:	Secale
Arten:	<i>Secale cereale</i> L. (Roggen)

## 1.2 Der Genpool der Getreidearten

Die Einteilung der Getreide und ihrer verwandten Wildarten kann unter zu Hilfenahme des Genpool-Konzeptes nach Harlan und de Wet (1971) vorgenommen werden (Abbildung 1.1).



**Abbildung 1.1 Schematische Darstellung des Genpools der Getreidearten nach Harlan und de Wet (1971).**

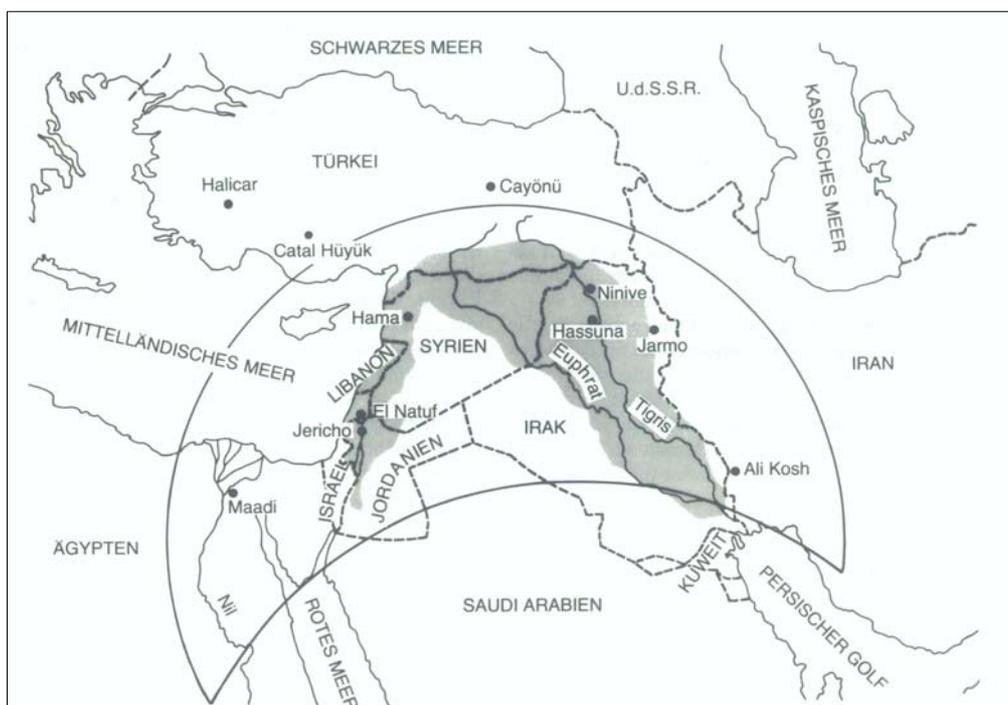
Die Einteilung der Getreidearten nach dem Genpoolkonzept soll im Folgenden beispielhaft für die Kulturart Gerste (*Hordeum vulgare*) beschrieben werden. Letztlich ist dieses Konzept, wie bereits erwähnt, auf die anderen, im Rahmen der vorliegenden Arbeit, untersuchten Kulturarten übertragbar.

Mit Hilfe des Genpoolkonzeptes unterscheidet man meist Gruppen, die je nach Kreuzbarkeit in drei (primär, sekundär und tertiär) distinkte Genpools aufspalten. Im primären Genpool befinden sich alle aktuellen Elitezuchtsorten, aber auch alte, nicht mehr dem Sortenschutz unterliegende, Kultursorten und deren Varietäten, sowie alte Landsorten und die Wildform der Kulturgerste (*H.*

*vulgare ssp. spontaneum*). Kreuzungen zwischen diesen Unterarten stellen kein Problem dar und ein Gentransfer zwischen diesen ist uneingeschränkt möglich. Im sekundären Genpool befindet sich mit *Hordeum bulbosum* nur eine einzige Art. Kreuzungen mit *H. bulbosum* werfen zahlreiche Probleme auf. In der Vergangenheit wurde *H. bulbosum* hauptsächlich dazu verwendet, um durch Chromosomen – Elimination, Doppelthaploide (DH) – Linien für die Gerstenzüchtung zu erzeugen (Pickering, 1984). Der tertiäre Genpool umfasst alle übrigen Arten der Gattung *Hordeum*. Kreuzungen dieser Arten mit den Arten aus dem primären Genpool gestalten sich äußerst schwierig und somit ist ein Einkreuzen vorteilhafter Allele aus diesen kaum bzw. gar nicht möglich und erfordert zudem einen hohen operativen Aufwand.

### 1.3 Ursprung und Domestikation der Kulturpflanzen

Die Wiege der modernen Landwirtschaft (Smith, 1995) liegt in einem partikulären Landschaftsgebiet des östlichen Mittelmeeres, welches auch als der „fruchtbare Halbmond“ (Zohary und Hopf, 1993; Diamond, 1998) bezeichnet wird (Abbildung 1.2). Dieses Areal erstreckt sich von Zentralasien über den Westen Jordaniens, den Libanon, Syrien, den Südosten der Türkei und den Norden des Iraks, bis zum Zagros Gebirge im Südwesten des Irans.



**Abbildung 1.2** Der fruchtbare Halbmond und die Verbreitungsgebiete von Gersten - Wildarten im vorderasiatischen Raum. Das Areal des Verbreitungsgebietes ist dunkel hervorgehoben (Geisler, 1980).

Die Inkulturnahme verschiedener Gräser führte im Laufe der Zeit dazu, dass die Lebensweise der Menschen vom Jäger und Sammler hin zum landwirtschaftsbetreibenden sesshaften Bauer wechselte. Diese Inkulturnahme begann vor 17.000 – 19.000 Jahren und ist dadurch gekennzeichnet, dass verstärkt die Wildformen der heutigen Kulturpflanzen in der Natur gesammelt und kultiviert wurden (Harlan, 1992; Ladizinsky, 1999). Von da an fand eine schrittweise verlaufende Domestikation der Kulturpflanzen statt und archäologische Funde zeigen, dass erste kultivierte Formen bereits vor ca. 10.000 Jahren vorlagen (Zohary und Hopf, 1993; Smith, 1995). Ein wichtiger Schritt während des Domestikationsprozesses der Kulturpflanzen war die Selektion auf „nicht spindelbrüchig“. Diese Eigenschaft ist leicht zu selektieren und war von enormer arbeitstechnischer Bedeutung. Funde um 8.000 v. Chr. zeigen, dass in den damals häufig verwendeten Mischungen schon ein hoher Anteil (10 – 12%) von nicht spindelbrüchigen Kulturpflanzen vorlag.

#### **1.4 Kulturpflanzenzüchtung in Deutschland**

Die Domestikation der heutigen Kulturpflanzen war ein entscheidender Faktor für die Entstehung der verschiedenen neolithischen Kulturen in der alten Welt. Heute trägt die moderne Pflanzenzüchtung dazu bei, einer wachsenden Weltbevölkerung eine Nahrungsgrundlage zu stellen.

Die heutigen Elitesorten der Kulturpflanzen sind aus den, gegen Mitte des letzten Jahrhunderts vorherrschenden, Landsorten (auch Primitivpopulationen genannt) hervorgegangen. Diese Landsorten bestanden aus einer heterogenen Mischung von mehr oder weniger stark ausgeprägten Inzuchtlinien. Gegen Mitte des letzten Jahrhunderts machten sich zunächst Landwirte daran, die vorhandenen Landsorten gezielt zu verbessern. Dies geschah durch die Selektion gewünschter Pflanzentypen aus den Landsortenpopulationen (Fischbeck, 1992). Als einen der Meilensteine in der modernen Pflanzenzüchtung gilt die Beschreibung der grundlegenden Eigenschaften der „Gene“ (Merkmalsausprägung) durch den Augustinermönch Johann Mendel (er nahm den Namen Gregor erst an, als er Augustinerbruder wurde) im Jahre 1865 in seiner Analyse der Genetik der Gartenerbse. Aus diesen Beobachtungen leiten sich die Grundlagen der Kreuzungsverfahren ab, die auch heute noch in der modernen Pflanzenzüchtung zur Ertragssteigerung bzw. zur Resistenzverbesserung angewendet werden. Die reinerbigen Kultursorten stammen heute aus den erfolgreichen Kreuzungszyklen zwischen ebenfalls homozygoten Linien ab. Durch die „reine Selektion“ günstiger Einzelpflanzen aus Landsortenpopulationen konnte z.B. beim Selbstbefruchter Gerste ein schneller Rückgang der genetischen Variabilität beobachtet werden (Fischbeck, 1991). Der weit verbreitete Anbau weniger

homogener Zuchtsorten führte zu einer fast vollständigen Verdrängung der heterogenen Landsortenpopulationen, was nicht nur zu einem Verlust der genetischen Diversität in den Zuchtsorten führte, sondern auch zu einem Verlust an Variation im Anbau allgemein und damit zu einem uniformen Landschaftsbild.

Obwohl der Verlust an genetischer Diversität im Nachhinein nicht mehr genau quantifiziert werden kann, geht man davon aus, dass es durch die frühen Selektionsprozesse, in denen Genotypen bevorzugt wurden, die an die jeweiligen Zuchtziele am Besten angepasst waren, zu einer starken Einengung der genetischen Diversität kam.

Dem entgegen wirken sollen die Methoden der modernen Kombinationszüchtung. Die große Potenz der Kombinationszüchtung genetische Diversität zu erzeugen, führte dazu, dass sie auch heute noch als methodische Grundlage zur Erzeugung von genetisch diversem Ausgangsmaterial für Züchtungsprozesse herangezogen wird.

### **1.5 Die genetische Diversität, Distanz- und Ähnlichkeitsmaße**

Bei der Identifikation von Sorten spielt der Begriff der genetischen Diversität eine zentrale Rolle, da sich die genetische Diversität direkt oder indirekt im Erscheinungsbild (Phänotyp) der Pflanze widerspiegelt. Dieser Phänotyp ist es letztendlich, der die verschiedenen Sorten auf dem Feld „identifizierbar“ macht. In den vergangenen zehn Jahren entwickelte sich neben der morphologischen Bestimmung der Sorten die molekularbiologische Bestimmung mittels „DNA-Fingerprint“ zu einem Standardtool in der modernen Pflanzenzüchtung.

Mit dem Begriff der genetischen Diversität beschreibt man im Allgemeinen die Vielfalt der genetischen Komposition einer Organismengruppe. Genetische Diversität entstand und entsteht auch immer noch, im Laufe der Evolution und wird durch verschiedene Faktoren beeinflusst bzw. hervorgerufen. Neben den Evolutionsfaktoren wie der Mutation, Selektion, Drift und Migration spielt gerade bei den vom Menschen genutzten Kulturarten die Domestikation und somit die Selektion im Rahmen der modernen Züchtungsprozesse eine entscheidende Rolle (Sperlich 1988; Rasch und Herrendörfer 1990). Die Beschreibung der genetischen Diversität kann auf der Ebene von Individuen, Populationen und Arten erfolgen (Petit et al. 1998).

Die genetische Diversität beschreibt das Ausmaß an Unterschieden, aber auch der Ähnlichkeiten im gesamten genetischen Material der untersuchten Organismengruppe. Durch die Ermittlung der genetischen Diversität ist es zudem möglich, verschiedene Sorten einer Kulturpflanze zu differenzieren und auf Basis dieser Differenzierung auch in späteren Prozessen zu identifizieren. Dieser Umstand soll eine Basis der hier vorliegenden Arbeit sein.

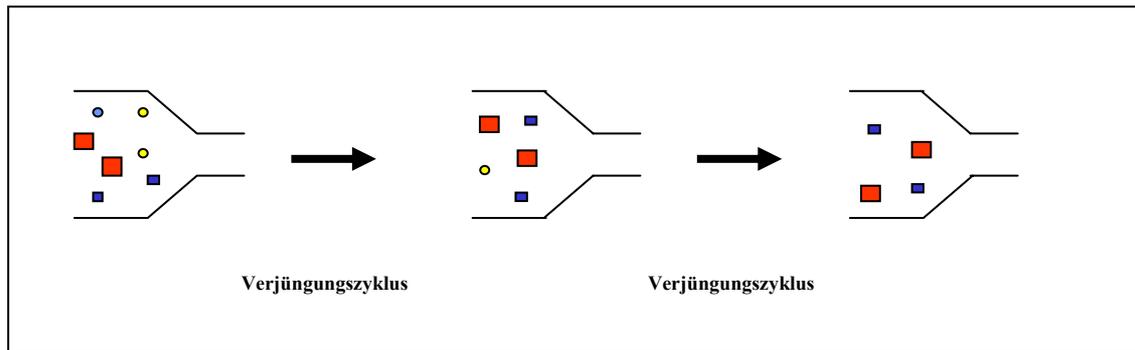
Ein weiterer wichtiger Begriff ist hier der der genetischen Distanz. Die genetische Distanz drückt die genetischen Unterschiede/Ähnlichkeiten zwischen Individuen oder Populationen aus. Dieser Wert kann zwischen 0 (kein Unterschied) und 1 (vollständige Unterschiedlichkeit) liegen (Dice 1945).

Die Untersuchung der genetischen Diversität der in dieser Arbeit evaluierten Sorten wurde mit Hilfe einer auf SSR-Markeranalysen basierende binäre Datenbasis erstellt. Für jede Sorte liegt danach ein Vektor aus „Nullen“ und „Einsen“ für das Vorhandensein (1) bzw. das Fehlen (0) des beobachteten Merkmals vor. In diesem Fall ist das beobachtete Merkmal, anders als bei Bonituren im Feld, die mittels PCR – Technik amplifizierte Banden auf einem Polyacrylamid-Gel.

### **1.6 Die Entwicklung der genetischen Diversität der Kulturpflanzen**

Es wird davon ausgegangen, dass im Genpool der frühen Landsorten eine, in Relation zu den heutigen Kultursorten, hohe genetische Diversität vorgeherrscht hat. Da diese alten Landsorten unwiederbringlich verschwunden sind, lässt sich dies nur noch an relativ geringen Stichproben, eingelagerter Landsorten, überprüfen. Hierbei ist auffällig, dass sich die Diversitätsindices der beiden Gruppen kaum unterscheiden. Sie sind aber, wie bereits erwähnt, nicht sicher interpretierbar, da die durch die Zuchtsorten verdrängten Landsorten nicht systematisch gesammelt wurden. Diese Tatsache trägt dazu bei, dass die Basis für eine Untersuchung fehlt, ob und in welchem Umfang die genetische Diversität beim Übergang zur modernen Pflanzenzüchtung und zum modernen Kulturpflanzenanbau verloren ging. Auffällig ist die große Diskrepanz in den Ergebnissen verschiedener Untersuchung, die je nach Stichprobenumfang und Kultursorte zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen gelangen. Russel et al. (2000) untersuchten unter Zuhilfenahme von 28 SSR-Markern die Veränderung in der Anzahl und im Muster der Variabilität in nordeuropäischen Sommergersten über die Zeit von 1884 bis 1990. Hier wurde beobachtet, dass der Grad der Diversität in den modernen Elitesorten geringer (0,484) war, als in den sog. 'foundation genotypes' (0,597).

Andere Arbeiten wurden zur Erhebung und Evaluierung von Genbankmaterial durchgeführt. Bei Akzessionen, die in der Genbank eingelagert werden gehört es zum regelmäßigen Zyklus, dass diese zu Vermehrungszwecken, aber auch zum Erhalt der Keimfähigkeit in sog. „Rejuvenation-Cycles“ (Verjüngungszyklen) angebaut werden



**Abbildung 1.3 Schematische Darstellung des „genetic bottleneck“. Genetische Diversität, dargestellt durch verschiedene Symbole, geht bei jedem Verjüngungszyklus des Genbankmaterials verloren. Durch die *in situ* - Erhaltung kann dieser Verlust reduziert werden (modifiziert nach Parzies et al., 2000).**

Dies geschieht aus Kosten- und Platzgründen auf relativ kleinen Vermehrungsflächen und auch hierbei kommt es zu einem Verlust an genetischer Diversität. Parzies et al. (2000) zeigten, dass die genetische Diversität bei Landsorten rapide mit jedem „Verjüngungszyklus“ abnehmen kann, wenn die Zahl der, zur Verjüngung der Samen, beitragenden Eltern zu klein ist und somit die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) der Verjüngungspopulation zu gering ist. Mehr noch, bei einer effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) von weniger als 100 kann es zu einer Akkumulation von ungünstigen Mutationen kommen. Dieses Phänomen bezeichnet man auch als „genetic bottleneck“. Es gibt demnach neben der Abnahme der genetischen Diversität im direkten Anbau, die durch die verdrängen der heterogenen Landsortenpopulationen durch die homogenen Elitesorten stattfindet, auch eine mögliche Abnahme der genetischen Diversität (Parzies et al., 2000) im Genbankmaterial durch die ständigen Verjüngungszyklen, die notwendig sind, um das Genbankmaterial keimfähig zu halten.

### 1.7 Markersysteme zur Evaluierung der genetischen Diversität in Kulturpflanzen

DNA-Polymorphismen können durch verschiedenste Methoden detektiert werden (Rafalski et al. 1997; Russel et al. 1997a), wobei in jüngster Zeit eine deutliche Verschiebung von den hybridisationsbasierten Methoden, wie den RFLPs (restrictionfragment length polymorphism), hin zu PCR gestützten Methoden und hier besonders zu den Mikrosatelliten (SSR-Markern, single – sequences – repeats), zu erkennen ist. Die Vorteile der SSR-Marker liegen in ihrer multiallelischen Natur, der codominanten Vererbung, ihrer hohen Verfügbarkeit, gefördert durch intensive Forschungsbemühungen, und in dem geringen Bedarf an template DNA für die PCR-Reaktion (Powell 1996). Während sich frühe Arbeiten (Fischbeck, 1992; Graner et al., 1994; Melchinger et al., 1994) größtenteils auf die Analyse durch RFLP-Marker gestützt haben, kamen in jüngerer Zeit

anonyme Markersysteme, wie RAMPs (**r**andom **a**mplified **m**icrosatellite **p**olymorphic DNA) und AFLPs (**a**mplified **l**ength **p**olymorphism) bei Untersuchungen in der Gerste zum Einsatz (Ellis et al., 1997; Schut et al., 1997; Davila et al., 1998). Im Rahmen dieser Studien konnten die Vorteile der Analyse mittels markergestützten Systemen deutlich gemacht werden. Ein Nachteil dieser Systeme besteht darin, dass der Grad ihrer Auflösung sehr begrenzt ist und so setzte sich in neuerer Zeit die Anwendung von SSR-Markern durch, die eine wesentlich bessere Auflösung ermöglichen. Der hohe Informationsgehalt der SSR-Marker wurde in mehreren Studien nachgewiesen und zeigt zudem einen deutlichen Weg in eine effiziente und schnelle Unterscheidungsmöglichkeit zwischen den verschiedenen Kultursorten (Saghai-Marooft et al., 1994; Becker and Heun, 1995; Russel et al. 1997b; Struss and Plieske 1998). Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden bereits kartierte SSR-Gersten-Marker (Liu et al., 1996; Waugh et al., 1997; Pillen et al., 2000; Ramsey et al., 2000) verwendet, um eine, auf SSR-Markerdaten basierende, Abstammungsanalyse der Gerstenmuster der Core-Collection durchführen zu können.

## 1.8 Ziele der Arbeit

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit sollen morphologisch-agronomische Merkmale und DNA-Markerdaten in einem Sortiment aus Gersten-, Weizen- und Roggensorten, die in NRW eine Anbaubedeutung hatten bzw. immer noch haben, erhoben werden und anhand dieser soll diese Sorten dann eindeutig identifiziert werden.

Für die molekularbiologische Identifizierung soll aus einem Set von 19 SSR-Markern die minimale Anzahl an SSR-Markern ermittelt werden, die die Sorten noch eindeutig differenzieren und damit identifizieren können. Des Weiteren soll überprüft werden, ob diese Marker aufgrund der phylogenetisch engen Verwandtschaft in der Familie der Poaceae auch für die Identifizierung des Weizen bzw. des Roggens eingesetzt werden können.

Ziel ist es weiterhin, einen Identifikationsschlüssel zu erstellen, der es ermöglicht, die ausgewählten Muster anhand von morphologischen und molekularbiologischen Merkmalen eindeutig zu bestimmen.

## 2. Material und Methoden

Im folgenden Kapitel werden all die Schritte beschrieben, die zur phänotypischen und molekularbiologischen Charakterisierung der Getreidemuster durchgeführt wurden und auf denen die letztlich der Bestimmungsschlüssel basieren wird. An die phänotypische und molekularbiologische Evaluierung schließen sich die Methoden zu statistischen Verrechnung der Ergebnisse an.

### 2.1 Phänotypische Merkmalerhebung

Die phänotypische Merkmalerhebung umfasst all die Arbeiten, die entweder direkt auf dem Feld, oder später bei der Aufarbeitung des Erntematerials durchgeführt wurden. Dieser Abschnitt der phänotypischen Merkmalerhebung umfasste einen Großteil der durchzuführenden Arbeiten und bildet somit neben den molekularbiologischen Analysen im Labor einen Hauptteil der vorliegenden Arbeit.

#### 2.1.1 Pflanzenmaterial

Im Rahmen der vorliegenden Projektarbeit wurden die morphologischen und genetischen Unterschieden bzw. Gemeinsamkeiten für eine spätere eindeutige Identifizierung der Getreidesorten untersucht. Die Getreidesorten hierfür wurden sowohl aus der Core Collection NRW (Reetz und Léon, 2004), als auch auf Empfehlung von Herrn Ulrich Schulze aus der Landwirtschaftskammer Nordrhein Westfalen ausgewählt. Insgesamt wurde 59 Sommerformen (Tabelle 9.1) und 44 Winterformen (Tabelle 9.2) ausgewählt. Diese verteilten sich wie folgt auf die verschiedenen Kulturarten:

#### Sommerformen:

##### Gerste (*Hordeum vulgare*):

24 Muster von Herrn Schulze (Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen)

21 Muster aus der Core-Collection Nordrhein-Westfalen

##### Weizen (*Triticum*)

Weichweizen (*T. aestivum*) 4 Muster

Dinkel (*T. spelta*) 4 Muster

Emmer ( <i>T. dicoccon</i> )	2 Muster
Einkorn ( <i>T. monococcum</i> )	3 Muster

### Roggen (*Secale cereale*)

1 Muster von Herrn Schulze (Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen)

### **Winterformen:**

### Gerste (*Hordeum vulgare*)

19 Muster aus der Core-Collection Nordrhein-Westfalen

### Weizen (*Triticum*)

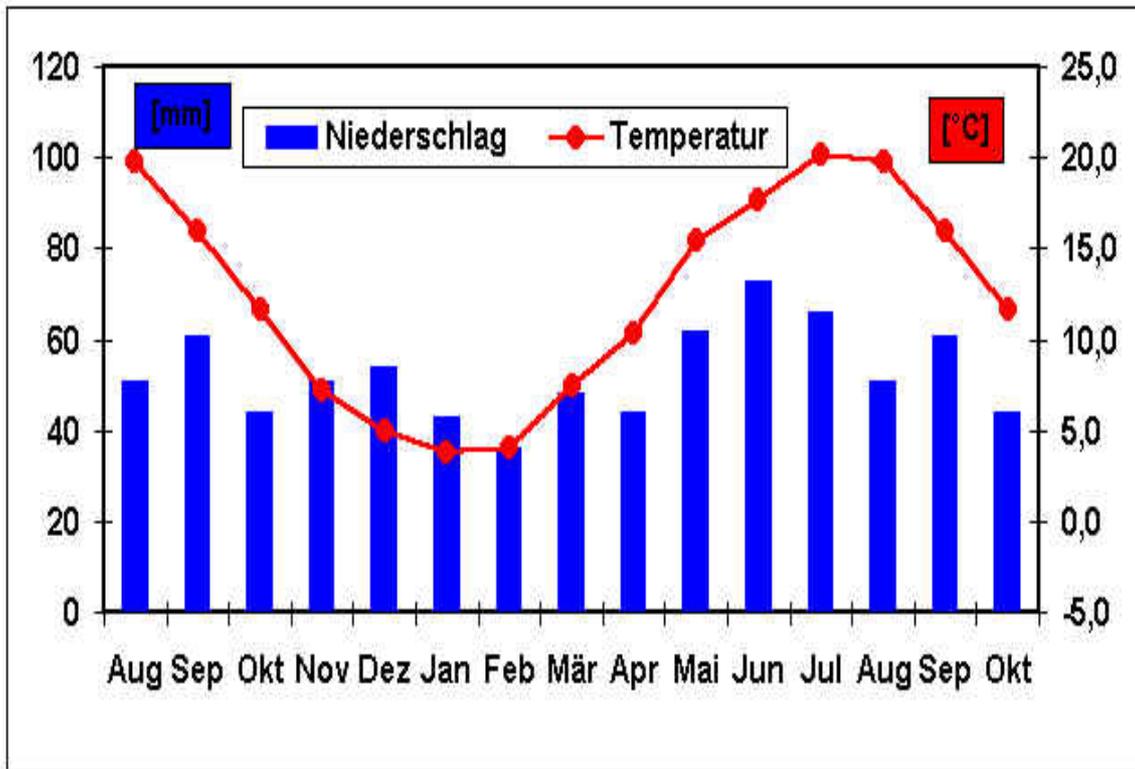
Weichweizen ( <i>T. aestivum</i> )	6 Muster
Dinkel ( <i>T. spelta</i> )	3 Muster
Emmer ( <i>T. dicoccon</i> )	1 Muster
Rauhweizen ()	5 Muster

total: 15 Muster (Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen)

### **2.1.2 Standort**

Die zu evaluierenden Getreidesorten wurden in den Jahren 2004 – 2006 im Versuchsfeld Poppelsdorf angebaut. Dieses Versuchsfeld ist dem Institut für Nutzpflanzenforschung und Ressourcenschutz (INRES) der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität zu Bonn angegliedert.

Das Versuchsfeld Poppelsdorf ist die zweitwärmste Gegend in Deutschland mit einer Neigung zu Fröhsommertrockenheit. Die Böden zeichnen sich durch ein gutes Gefüge und einen guten Nährstoffvorrat mit 80 – 100cm Tiefgang aus. Die Bodenpunktzahl liegt bei 70 – 90. Das Versuchsfeld ist somit anbauwürdig für alle landwirtschaftlichen Kulturen Mitteleuropas.



	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Mittel
Niederschlag	51	61	44	51	54	43	36	48	44	62	73	66	51	61	44	632
Temperatur	19,8	15,9	11,7	7,2	5,0	3,8	4,1	7,5	10,3	15,4	17,7	20,2	19,8	15,9	11,7	11,7

Abbildung 2.1 Mittlere Klimadaten des Standortes Bonn Poppelsdorf (1971 – 1995)

### 2.1.3 Versuchsanlage und Aussaat

Als Versuchsanlage diente in den Jahren 2003 – 2005 eine mit Hilfe der Software Alpha<sup>+</sup> von Williams und Talbot (1993) randomisierte Blockanlage ohne Wiederholungen (Abbildung 2.2).



**Abbildung 2.2 Versuchsanlage 2003/2004 im Versuchsfeld Poppelsdorf**

Die Aussaat erfolgte in diesen Jahren mit einer Einzelkornsämaschine (Firma: Hege; Fabrikat: Hege 95 B). der Abstand zwischen den Reihen betrug 21cm und der Abstand in der Reihe ca. 2cm. Die Saatstärke betrug 300 kK/m<sup>2</sup>. Diese Versuche dienten neben der Probenentnahme für die DNA-Extraktion und der Merkmalerhebungen, hauptsächlich der Vermehrung des Saatgutes, um dies für folgende Versuche in ausreichender Quantität zur Verfügung zu haben. Um die Sortenreinheit für die weiteren Versuchsjahre maximal gewährleisten zu können, wurde die Beerntung ausschließlich per Hand durchgeführt.

### 2.1.4 Merkmalsbonituren und Ernte

Die Beprobung während der Versuchsjahre fand zu den, in der Bundessortenliste angegebenen EC-Stadien statt. Die Merkmalerhebung folgte dabei den „UPOV-Richtlinien für die Durchführung der Prüfung auf Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit im Getreide“ der Arbeitsgemeinschaft der Anerkennungsstellen für landwirtschaftliches Saat- und Pflanzgut, sowie den Vorgaben der beschreibenden Bundessortenliste des Bundessortenamtes Hannover.

Bei der Handernte wurde zum einen für die spätere Bestimmung agronomischer Merkmale je 5 Einzelpflanzen zur Vollreife (EC92) aus der Mitte der Parzelle entnommen und noch auf dem

Feld in den Stroh und Ähren teil für die weitere Verarbeitung fraktioniert. Zum anderen wurden bei den übrigen Pflanzen ausschließlich die Ähren zur späteren Saatgutgewinnung geerntet.

Die Bonitur der Wuchshöhe (EC 83-87) wurde in den Versuchspartzen an drei verschiedenen Messpunkten durchgeführt. Dabei wurde die Länge der Pflanzen vom Boden bis zur Grannenspitze ermittelt.

In der abgelaufenen Vegetationsperiode (2004/05) wurden die taxonomischen und morphologischen Merkmale der verschiedenen Getreidemuster aufgenommen. Die aufgenommenen Merkmale orientierten sich an den ausgearbeiteten Merkmalen aus der Vegetationsperiode (2003/04):

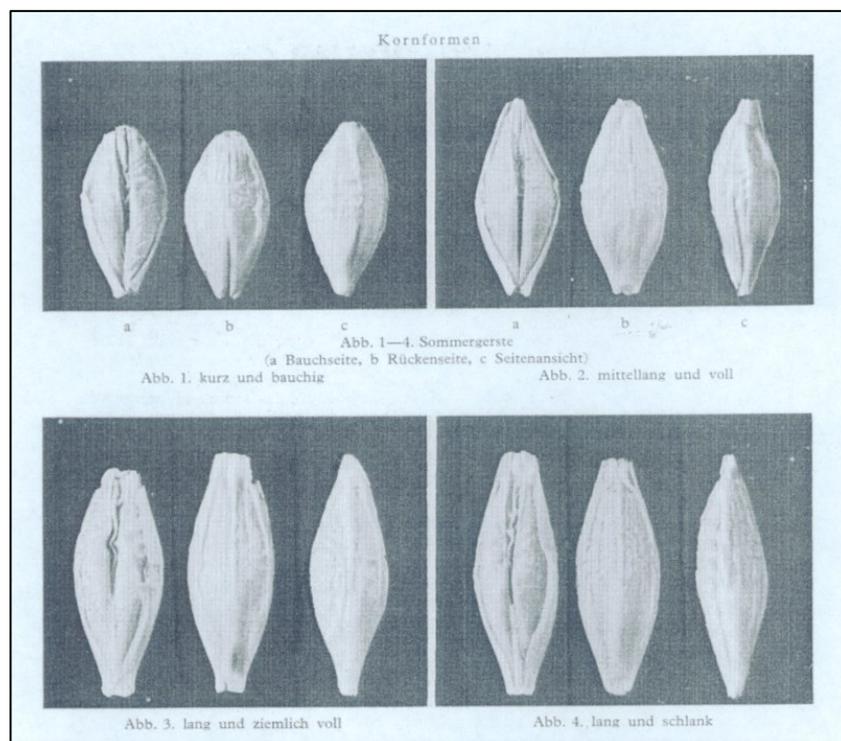
Diese Merkmale wurden in folgende Kategorien unterteilt.

- Kornmerkmale: Kornfarbe, Kornform, Korngröße, Spelzbeschaffenheit, Tausendkorngewicht,
- Ährenmerkmale: Zeiligkeit, Ährenform, Ährenlänge und Ährenbreite, Begrannung, Grannenstellung, Grannenlänge, Ährenfarbe an der grünen Ähre, Farbe der reifen Ähre, Ährenhaltung
- Spindelmerkmale: Spindellänge und –breite, Form der Spindelglieder, Spindelkragen
- Merkmale an der Jungpflanze: Blattmerkmale, Blattfarbe, Basalblattscheidenbehaarung, Wuchsform (Blattstellung)
  
- Blattmerkmale: Blattlänge und Blattbreite, Blattspitzenform, Blattstellung, Blattfarbe, Blattöhrchenabstand, Rotfärbung der Blattöhrchen
  
- Schossbeginn und Ährenschieben:  
Nur wenige Sorten zeigen in dieser Zeitspanne charakteristische Merkmalsausprägungen, so dass lediglich Kriterien wie

Entwicklungsgeschwindigkeit, Bestandeshöhe, Bestandesfarbe und Bestandesdichte (Reihen mehr offen, Boden noch sichtbar oder Bestand dicht) berücksichtigt werden können.

- Halmmmerkmale: Halmdicke, Halmfarbe und Halmbereifung, Strohfarbe
- Sonstige Kriterien: Beginn des Schossens, Erscheinen des Spitzenblattes (oberstes Halmblatt), Beginn des Ährenschiebens, Milchreife des Kornes, Gelbreife des Kornes, Vollreife des Kornes, Auswuchsneigung

Beispielhaft sind im Folgenden einige Abbildungen der Boniturschemata aus „Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung“ (1970) für die Gerste angeführt. Diese bildeten die Grundlage für die eindeutige phänotypische Identifizierung der Getreidearten.



**Abbildung 2.3 Kornformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970).**

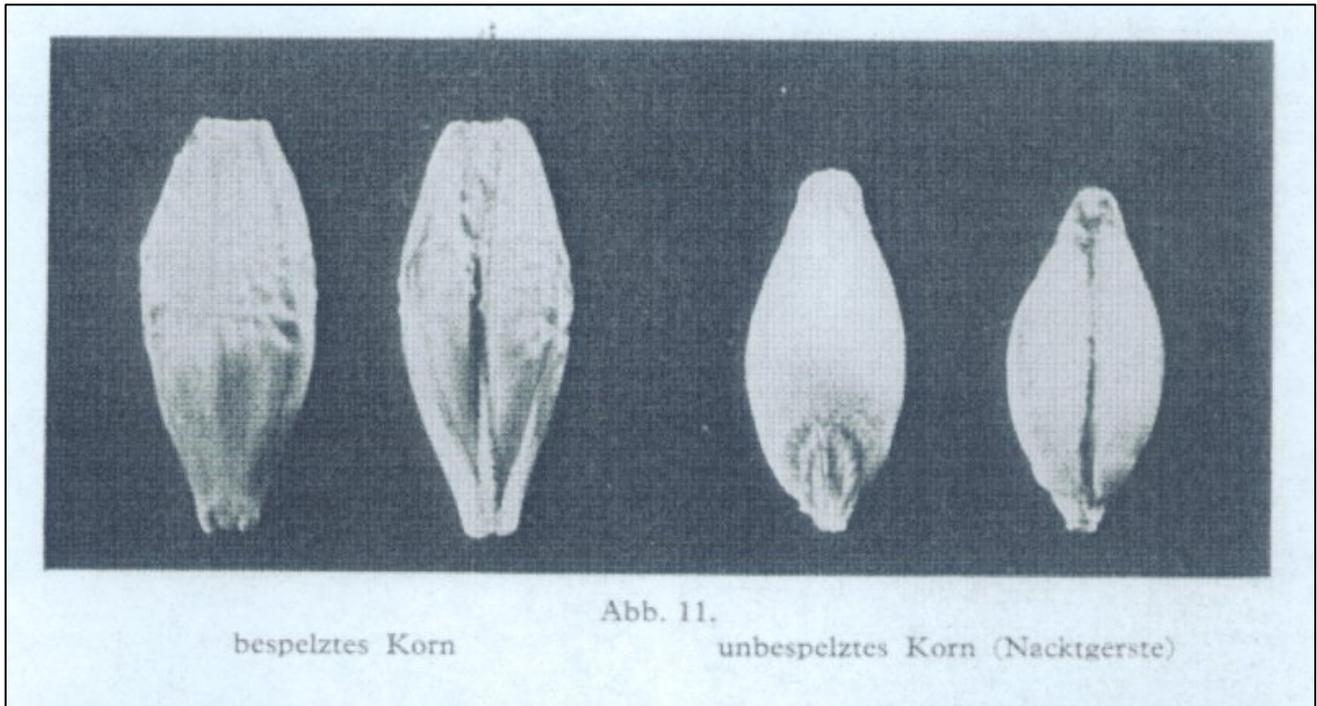


Abbildung 2.4 Spelztyp bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970).

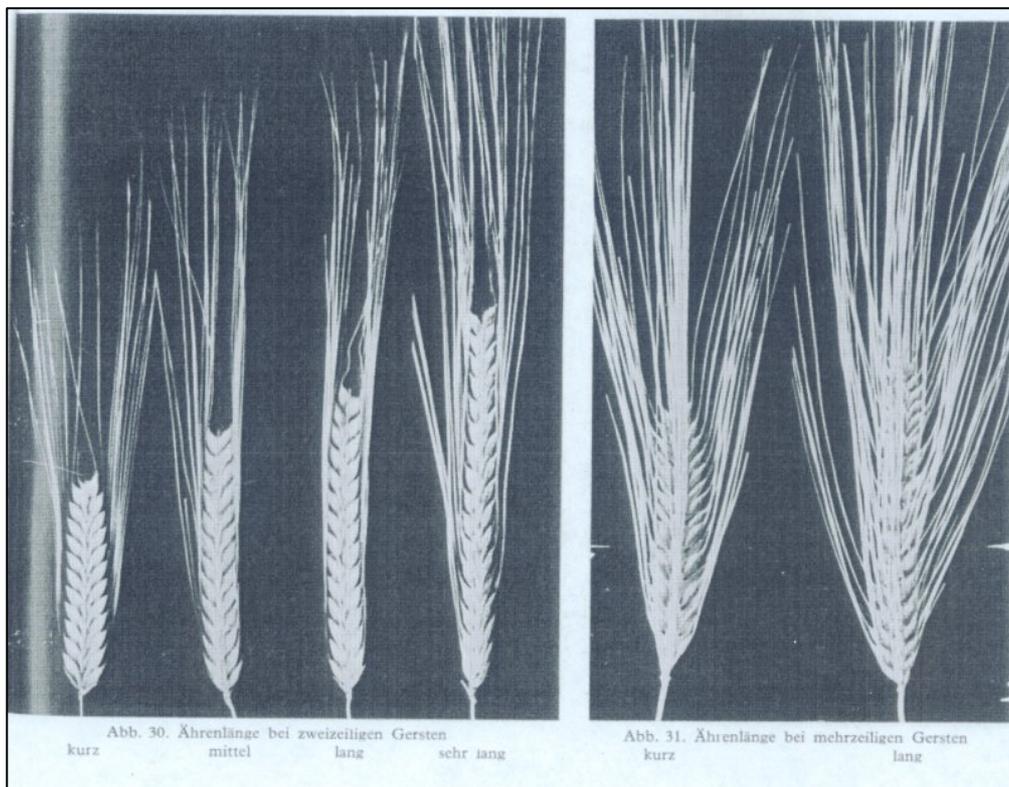
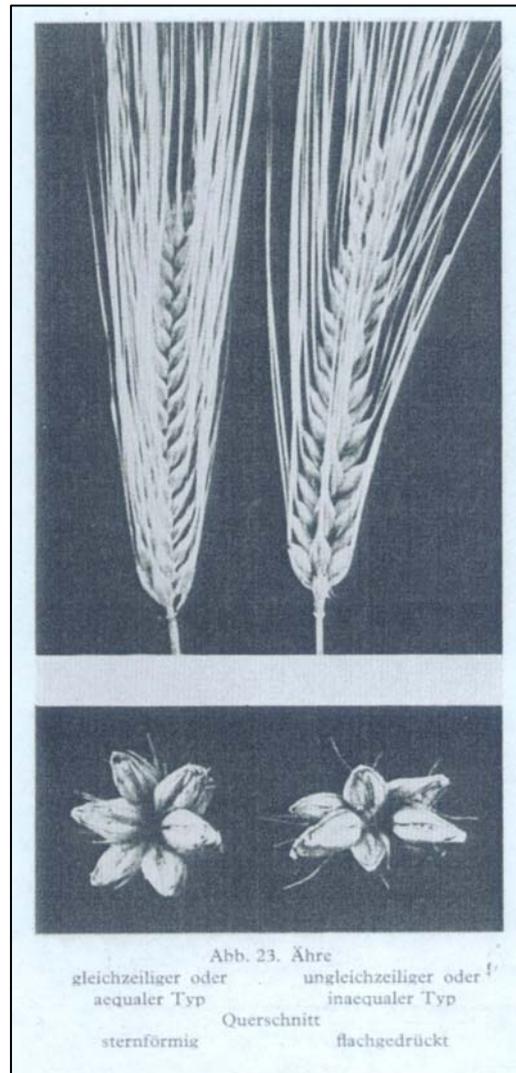
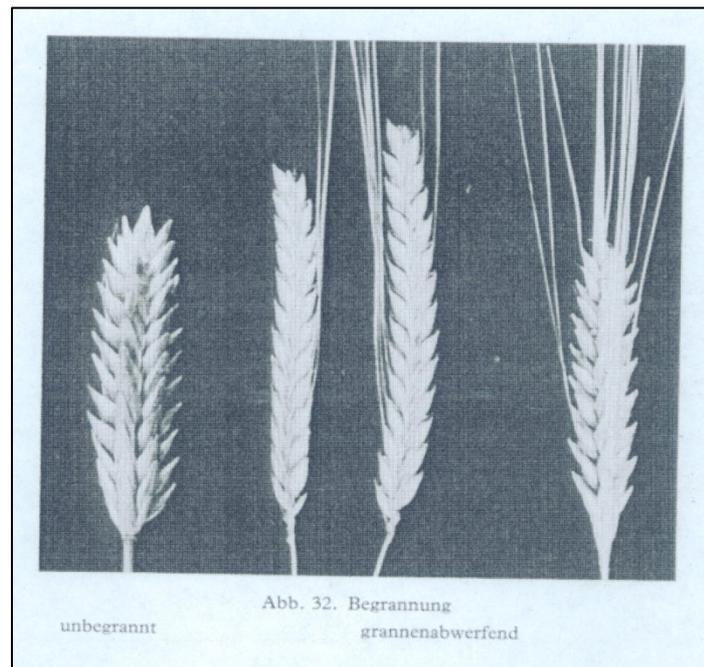


Abbildung 2.5 Ährenformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970).



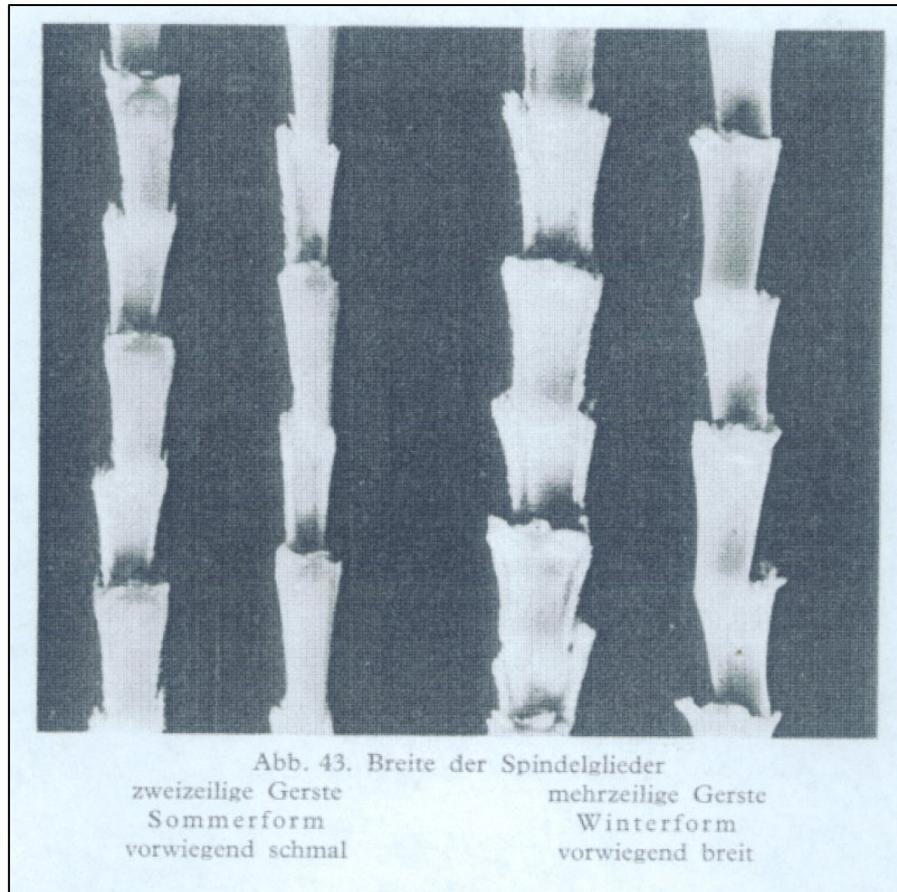
**Abbildung 2.6 Ährenformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970).**



**Abbildung 2.7 Begrannung bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970)**



**Abbildung 2.8 Grannenzlänge bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970)**



**Abbildung 2.9 Spindelformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970)**

## 2.2 Molekularbiologische Merkmalerhebung

Neben der phänotypischen ist die molekularbiologische, d.h. markergestützte, Merkmalerhebung von zentraler Bedeutung für die eindeutige Identifikation der verschiedenen Kulturarten untereinander. Mit Hilfe von Mikrosatelliten (SSR-Marker)-Analyse ist es möglich die Muster auf genomischer Ebene zu analysieren. Die Mikrosatellitenanalyse ist, anders als die Analyse der phänotypischen Merkmale, völlig unabhängig von Umweltfaktoren. Zudem ist die eindeutige Identifikation mittels Mikrosatelliten zu einem so frühen Zeitpunkt möglich, zu dem die Identifikation auf morphologischer Basis noch nicht durchführbar ist. Neben diesen Vorteilen, wird im juristischen Streitfall die Mikrosatellitenanalyse auch das Mittel der Wahl sein. In diesem Abschnitt werden die Schritte erläutert, die zu einer Charakterisierung der Muster auf genomischer Ebene führen.

### 2.2.1 Isolierung von genomischer DNA aus Gerstenblattmaterial

Für die DNA-Extraktion wurden als Ausgangsmaterial jeweils drei Blätter von 5 verschiedenen Pflanzen genommen. Die Probenentnahme fand direkt auf dem Feld vor dem Zeitpunkt der Bestockung (EC 13-19) statt. Die DNA-Extraktion wurde nach einer modifizierten Form des CTAB - Protokolls von Saghai-Marroof et al. (1984) durchgeführt.

Nachdem das Blattmaterial mit 15 ml Sorbitol-Puffer und 0,075 g Na-Bissulfit versetzt worden ist, wurde es mit Hilfe eines Ultrathurrax (Firma: IKA<sup>®</sup>-Werke, Fabrika: T25 basic) homogenisiert. Auf die anschließende Filtration des gewonnenen Homogenisates in ein steriles Falcon, wurden die Proben bei 5000 U/min. und 4°C für 15 min. zentrifugiert (Firma: Heraeus Sepatech, Fabrikat: Variofuge 3.0). Der Überstand wurde dekantiert und das Pellet in 2,5 ml Sorbitol und 0,0125 g Na-Bisulfit resuspendiert. Den resuspendierten Proben wurde jeweils 2,5 ml Kernlysepuffer und 1 ml Laurylsarkosin hinzugefügt und danach wurden die Proben bei 150 U/min. und 60°C für 30 – 60 min. inkubiert. Anschließend wurden die Proben mit 6 ml Chloroform/Isoamylalkohol (24:1) versetzt, 10 min. geschüttelt und dann erneut bei 5000 U/min. und 4°C für 30 min. zentrifugiert. Der wässrige Überstand wurde in ein steriles Falcon überführt und die DNA unter Zugabe eine Alliquots eiskalten Isopropanoles gefällt. An die Fällung schloss sich eine erneute Zentrifugation bei 5000 U/min. und 4°C für 30 min. an. Das Isopropanol wurde verworfen und das Pellet vorsichtig mit 2 ml 70%igen Ethanol gewaschen. Anschließend wurden die Proben bei 5000 U/min. und 4°C für 4 min. zentrifugiert und der Überstand erneut verworfen. Nachdem das Pellet vollständig getrocknet war, wurde es, je nach

Ausbeute, in 50 – 1000 µl sterilem H<sub>2</sub>O<sub>(demin)</sub> resuspendiert. Von den fertig extrahierten Proben wurden Aliquots als Arbeitslösung bei -20°C gelagert, die restliche Probe wurde als Stammlösung bei -80°C tiefgefroren und kann so auf unbestimmte Zeit gelagert werden.

#### Sorbitol-Puffer

Sorbitol	350 mM
Tris	100 mM
EDTA	5 mM
HCl (konz.)	pH 7,5
H <sub>2</sub> O <sub>(demin.)</sub>	ad 2 l
Lagerung bei 4°C	

#### Kernlyse-Puffer

Tris	200 mM
EDTA	50 mM
NaCl <sub>2</sub>	2 M
CTAB	2 %
H <sub>2</sub> O <sub>(demin.)</sub>	ad 5 l
Lagerung bei Raumtemperatur	

#### Laurylsarkosin 5%

Laurylsarkosin	25 g
H <sub>2</sub> O <sub>(demin.)</sub>	ad 500 ml
Lagerung bei Raumtemperatur	

#### Chloroform/Isoamylalkohol 24:1

24 Volumenanteile Chloroform + 1 Volumenanteil Isoamylalkohol. Lagerung bei Raumtemperatur unter dem Abzug!!!

## 2.2.2 Mikrosatelliten-Marker (SSR-Marker)

### Gerstenmarker

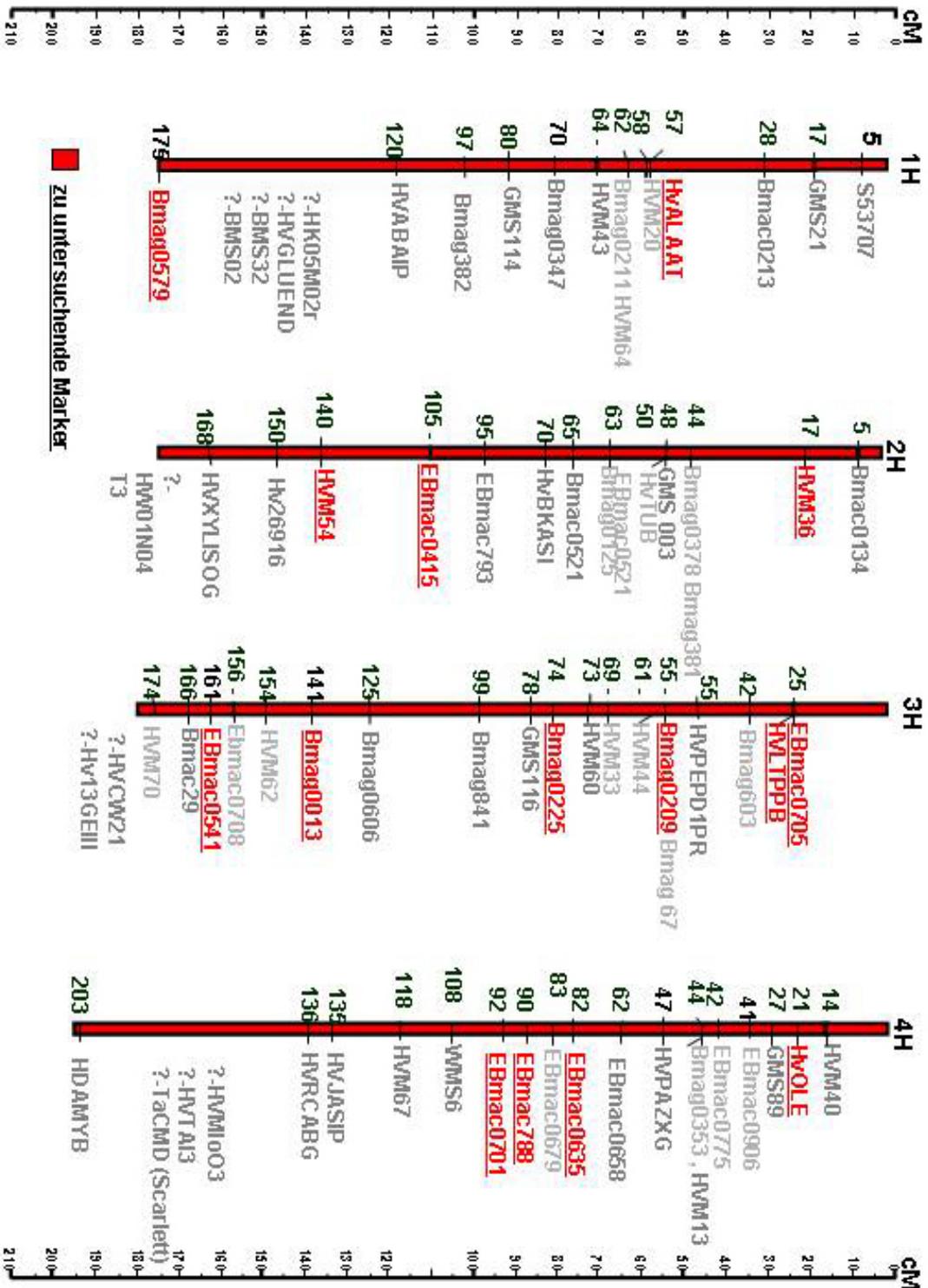
Im Rahmen der Laboruntersuchungen wurden für die Gerstensorten 19 Mikrosatelliten – Marker (im Folgenden vereinfachend „SSR-Marker“ genannt) ausgewählt, mit denen alle Sorten untersucht wurden. Eine genaue Liste der untersuchten SSR-Marker ist in Tabelle 2.1 aufgeführt.

**Tabelle 2.1 Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur eindeutigen Identifizierung der Gerstensorten eingesetzt wurden.**

Lauf.-Nr.:	MGB – Nummer	Name	Chromosom	amplifizierte Allele	Referenz
01	23	<b>HVALAAT</b>	1 H	5	Pillen et al., 2000
02	46	<b>HVM 36</b>	2 H	6	Liu et al., 1996
03	52	<b>HVM 54</b>	2 H	5	Liu et al., 1996
04	111	<b>HVLTPPB</b>	3 H	4	Pillen et al., 2000
05	203	<b>EBmac 0415</b>	2 H	3	Waugh et al., 1997
06	205	<b>Bmac 0209</b>	3 H	5	Waugh et al., 1997
07	208	<b>Bmag 0225</b>	3 H	8	Waugh et al., 1997
08	209	<b>Bamg 0013</b>	3 H	9	Waugh et al. 1997
09	210	<b>EBmac 0541</b>	3 H	8	Waugh et al., 1997
10	217	<b>EBmac 0701</b>	4 H	10	Waugh et al., 1997
11	218	<b>EBmac 0788</b>	4 H	8	Ramsey et al., 2000
12	221	<b>Bmag 0337</b>	5 H	5	Waugh et al., 1997
13	228	<b>Bmac 0316</b>	6 H	8	Waugh et al., 1997
14	245	<b>Bmac 0156</b>	7 H	9	Waugh et al., 1997
15	247	<b>HVOLE</b>	4 H	5	Ramsey et al., 2000
16	260	<b>EBmac 0705</b>	3 H	5	Waugh et al., 1997
17	282	<b>Bmag 0579</b>	1 H	5	Waugh et al., 1997
18	289	<b>EBmac 0635</b>	4 H	9	Waugh et al., 1997
19	294	<b>Bmac 0040</b>	6 H	7	Waugh et al., 1997

Die Anzahl der, mit Hilfe der SSR-Marker, amplifizierten Allele erstreckten sich von drei Allelen (**EBmac 0415**) bis zu zehn verschiedenen Allelen (**EBmac 0701**). Die durchschnittliche Anzahl von Allelen pro SSR-Marker beträgt 6,53 Allele. Eine Übersicht der Verteilung der Marker auf den Gerstenchromosomen ist in Abbildung 2.10 dargestellt. Nach der Analyse der Gerstensorten

mit allen Markern wurde der minimale Markersatz ausgewählt, der noch zu einer eindeutigen Identifizierung der Gerstensorten führt. Gleiches wurde zudem mit SSR-Markern für die Weizensorten durchgeführt.



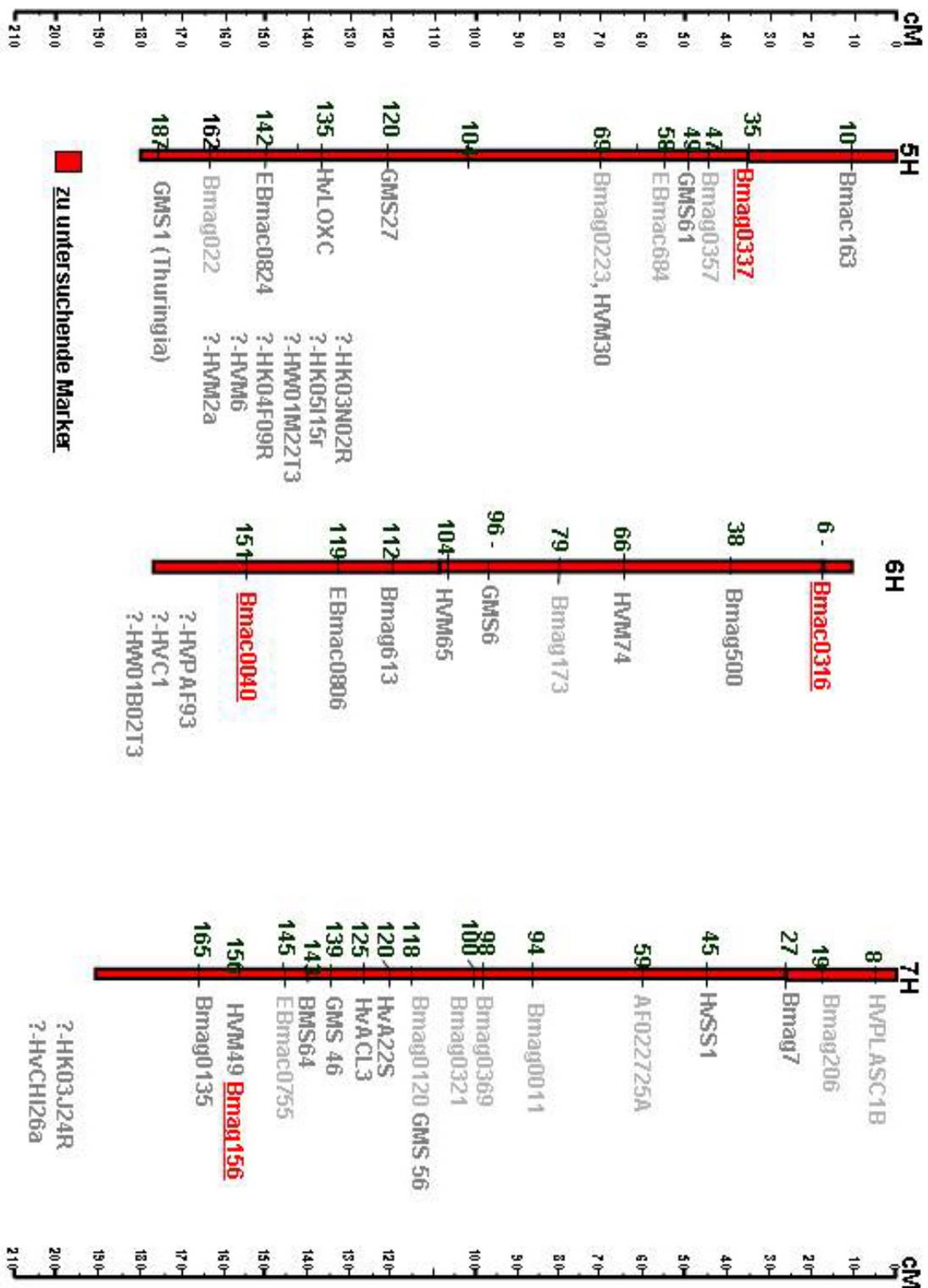
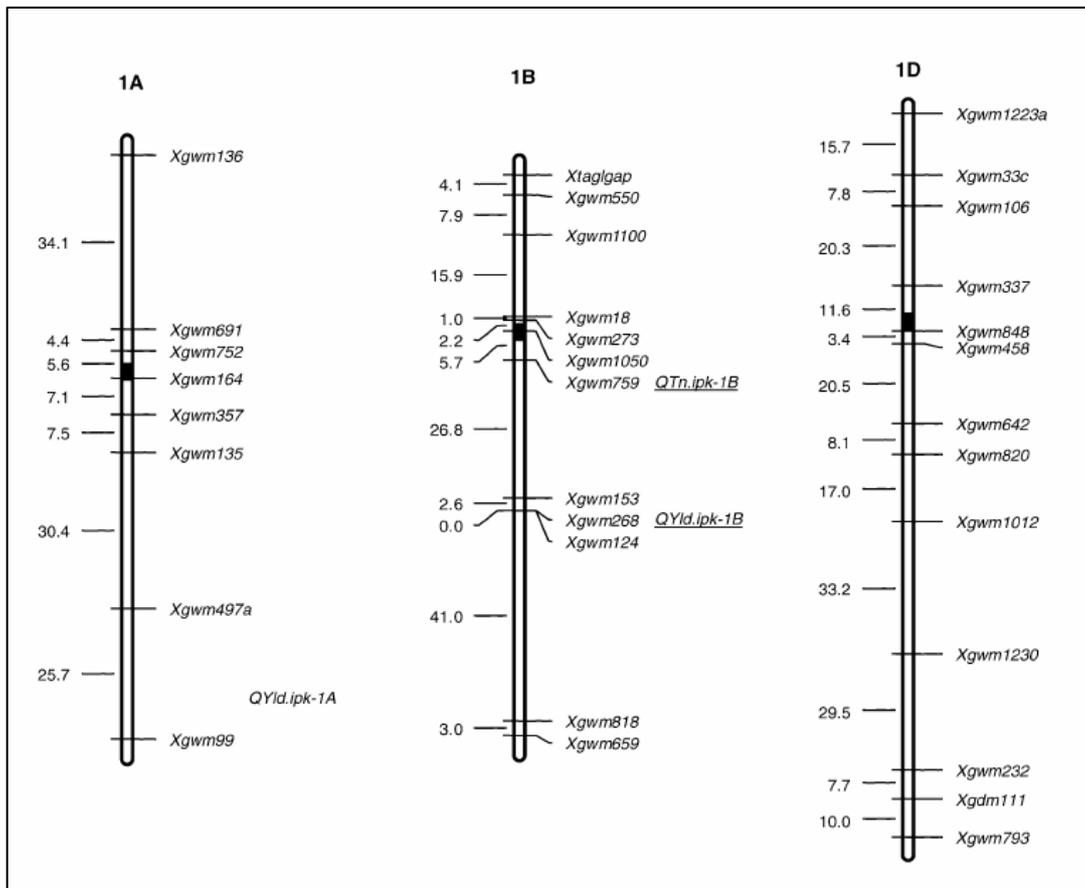
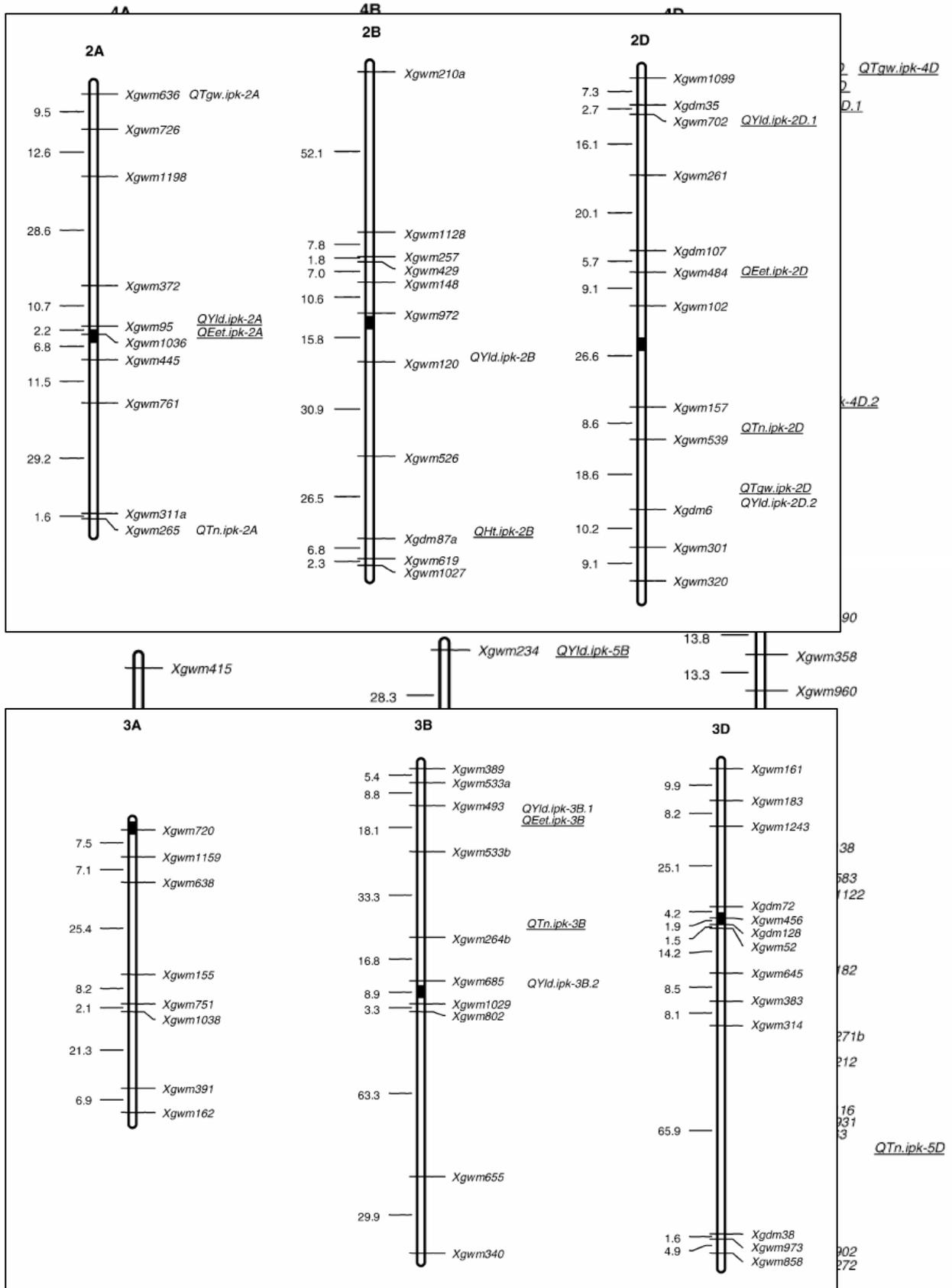


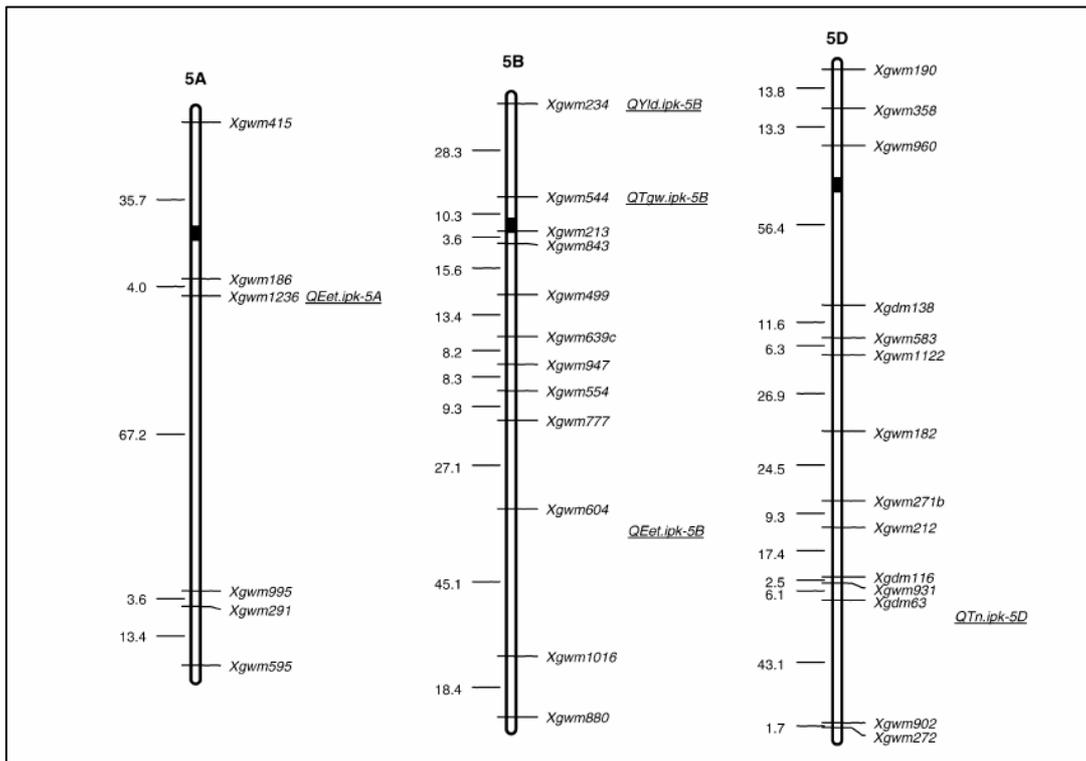
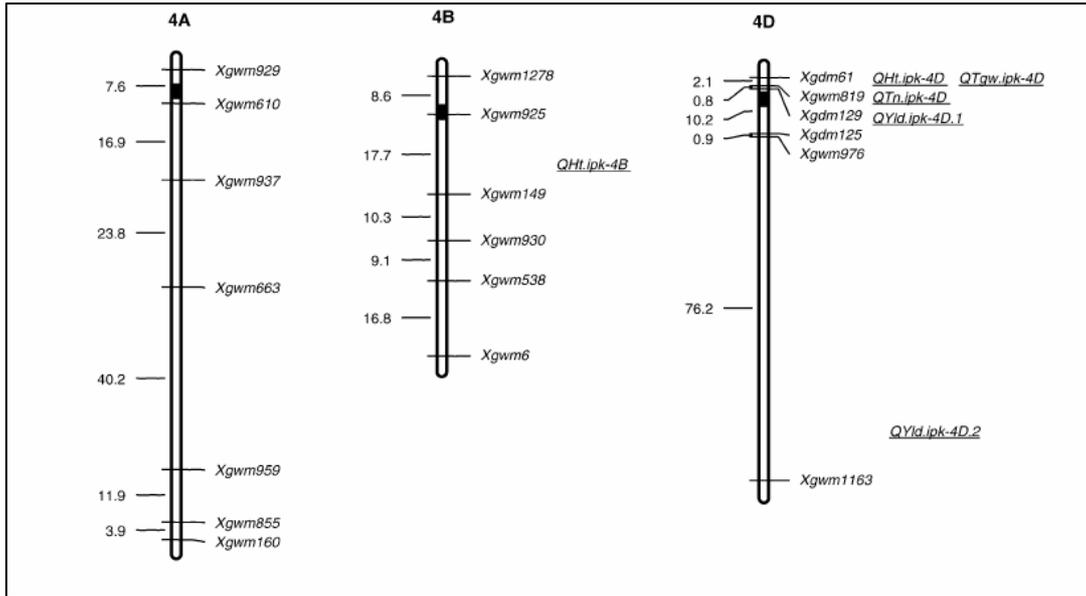
Abbildung 2.10 Kartierung der SSR-Marker auf der modifizierten Kopplungskarte Lina x *H. vulgare* ssp. *spontaneum* (Canada Park Population) nach Ramsey et al. (2000). Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit evaluierten SSR-Marker auf den 7 Gerstenchromosomen sind durch Unterstreichen kenntlich gemacht worden. Auf den Achsen ist die jeweilige Distanz in cM (Zentimorgan) dargestellt.

## Weizenmarker

Im Folgenden werden die Weizenmarker vorgestellt, die im Rahmen der vorliegenden Arbeit untersucht wurden, um die Weizensorten eindeutig identifizieren zu können. Diese wurden in Rücksprache mit den Kollegen der GABI Weizengruppe am INRES Professur für Speziellen Pflanzenbau ausgewählt (Abbildung 2.11, Tabelle 2.2).







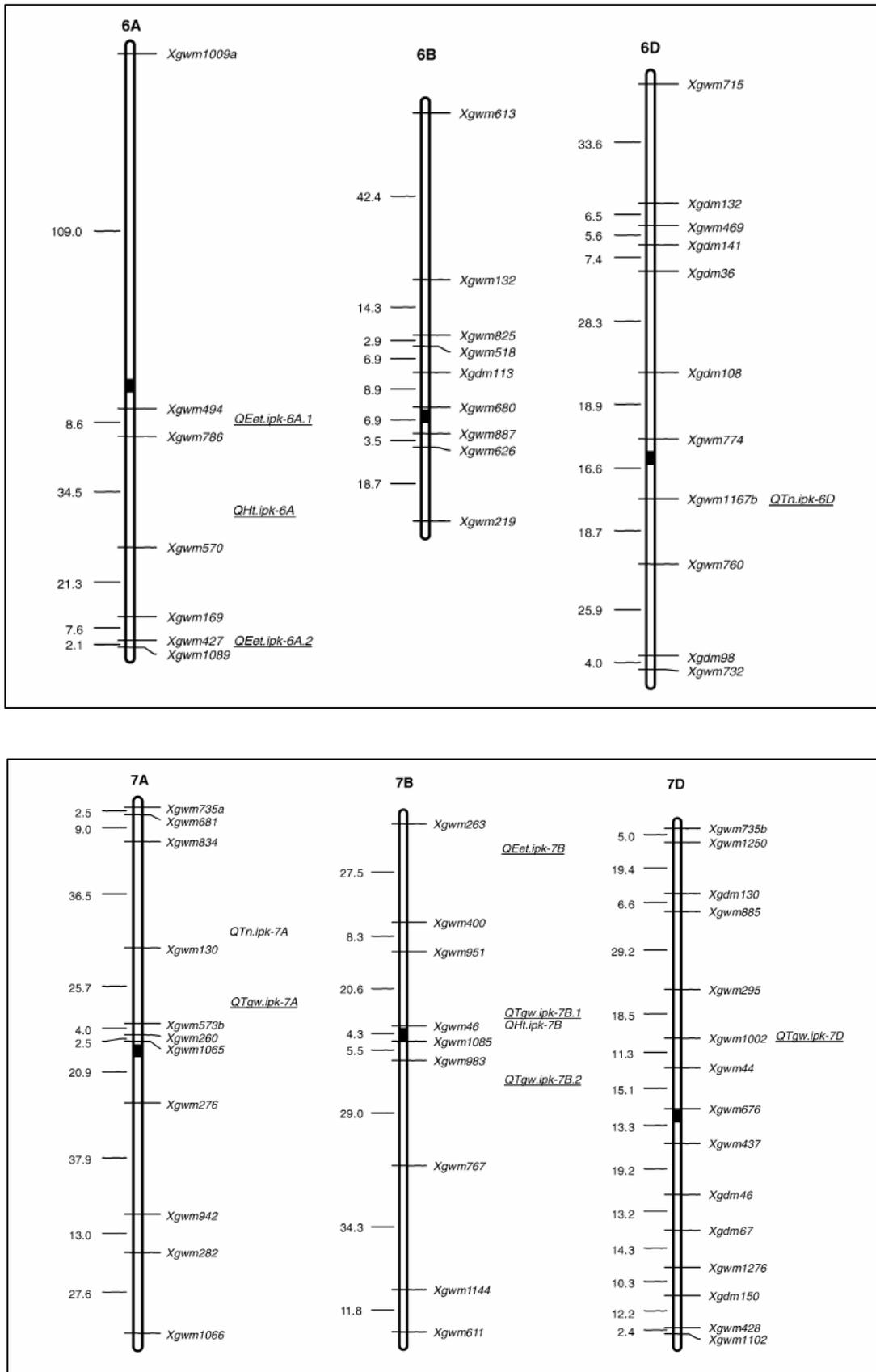


Abbildung 2.11 Kopplungskarte der Weizen-Mikrosatelliten nach Huang et al. (2003)

**Tabelle 2.2 Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur eindeutigen Identifizierung der Weizensorten eingesetzt wurden.**

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	Referenz
01	Xgwm 357	Chr. 1A	Huang et al. 2003
02	Xwmc 477	Chr. 2B	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
03	Xgwm 272	Chr. 5D	Huang et al. 2003
04	Xbarc 271	Chr. 1D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
05	Xgwm 356	Chr. 2A	Huang et al. 2003
06	Xgwm 102	Chr. 2D	Huang et al. 2003
07	Xgwm155	Chr. 3A	Huang et al. 2003
08	Xbarc 1118	Chr. 4D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
09	Xbarc 217	Chr. 4D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
10	Xbarc 352	Chr. 7D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
11	Xcfd 132	Chr. 6D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
12	Xbarc 149	Chr. 1D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
13	Xbarc 12	Chr. 3A	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
14	Xgwm 320	Chr. 2D	Huang et al. 2003
15	Xgwm 415	Chr. 5A	Huang et al. 2003
16	Xbarc 165	Chr. 5A	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
17	Xbarc 8	Chr. 1B	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
18	Xgwm 427	Chr. 6A	Huang et al. 2003
19	Xbarc 170	Chr. 4A	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
20	Xbarc 322	Chr. 5D	<a href="http://www.scabusa.org">http://www.scabusa.org</a>
21	Xgwm 340	Chr. 3B	Huang et al. 2003
22	Xgwm 626	Chr. 6B	Huang et al. 2003
23	Xgwm 232	Chr. 1D	Huang et al. 2003
24	Xgwm 212	Chr. 5D	Huang et al. 2003
25	Xgwm 437	Chr. 7D	Huang et al. 2003

### 2.2.3 Amplifikation von spezifischen DNA-Fragmenten mittels Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR)

Die Amplifikation der DNA – Fragmente erfolgte für alle SSR-Marker in einem einheitlichen Reaktionsgemisch in 96er Maßstab. Die Zusammensetzung des Reaktionsgemisches zu je 20 µl Endvolumen ist nachfolgend aufgeführt.

	Menge	Endkonzentration
Template DNA	5 µl	100 ng
10fach PCR-Puffer	2 µl	1 fach
MgCl <sub>2</sub> (25 mM)	2 µl	2 mM
dNTPs (10 mM)	1 µl	0,2 mM
forward Primer (10 µM)	0,1 µl	0,1 µM
reverse Primer (10 µM)	0,1 µl	0,1 µM
Taq-Polymerase (5U/µl)	0,05 µl	-
H <sub>2</sub> O <sub>(demin.)</sub> steril	ad 20 µl	-

Die eigentliche Amplifikation fand in Deep-Well-Platten in einem Thermocycler (Firma: Biometra; Fabrikat: Thermocycler) statt. Auch hier wurde für alle SSR-Marker ein einheitliches Programm (Tabelle 2.3) für die einzelnen Schritte der Amplifikationszyklen verwendet.

**Tabelle 2.3** Programmparameter zur Durchführung einer 'touch-down' PCR im Thermocycler (Biometra).

Temperatur [°C]	Zeit [min.]	Zyklenzahl
94	1	10
55 – 65	1	
72	1	
94	1	30
55	1	
72	1	
75	5	1
4	∞	∞

### 2.2.4 Auftrennung der Amplifikationsprodukte am Sequenzierautomaten

Zur Auftrennung der Amplifikationsprodukte wurde der Sequenzierautomat 4200 der Firma Li-Cor, Bad Homburg verwendet. Zum PCR-Ansatz wurde Stoppmix im Verhältnis 1:1 hinzugegeben und anschließend für 3 min. bei 95 °C denaturiert.

Die Auftrennung erfolgte auf einen Sequenziergel mit einem 0,6x TBE-Puffer. Zur Herstellung des Gels wurden das SequaGel XR<sup>®</sup> (Biozym, Hessisch Oldendorf) mit 3 ml SequaGel Complete<sup>®</sup> (Biozym, Hessisch Oldendorf) in einem Becherglas gemischt. Die Polymerisation wurde mit 120µl 10% Ammoniumpersulfat (APS) gestartet, indem vorsichtig gemischt wurde. Anschließend wurde die Lösung zwischen zwei Glasplatten mit 25 cm Länge und einem Abstand von 0,2 mm gegossen. Die Innenseiten der Glasplatten wurden vorher mit Isopropanol gesäubert, um fluoreszierende Hintergrundstrahlung zu verringern. Das Gel polymerisierte innerhalb einer Stunde aus.

In die Taschen wurden 0,5–1,0µl des denaturierten, mit Stoppmix versetzten Amplifikationsproduktes mit der Hamiltonmehrkanalpipette aufgetragen.

Das Li-Cor-System nutzt die Infrarotfluoreszenz (IR), um die mit einem IRD-Farbstoff gekoppelten Amplifikationsprodukte zu detektieren, welche abhängig von ihrer Größe im Polyacrylamidgel aufgetrennt werden. Eine Feststofflaserdiode regt die farbstoffmarkierten Amplifikationsprodukte zur Fluoreszenz an, sobald sie das Detektionsfenster am Li-Cor Sequenzierautomaten passieren. Ein automatisch fokussierendes Fluoreszenzmikroskop mit Feststoff-Silikon-Fotodiode fährt fortwährend das Gel in seiner gesamten Breite ab und sammelt auf diese Weise die Daten. Diese werden von der e-seq-Software zu einem Gesamtbild zusammengefügt, welches als Bandenmuster erscheint. Das Absorptionsmaximum beträgt je nach verwendetem Fluoreszenzfarbstoff entweder 795nm (IRD 800) oder 685nm (IRD 700). Der Lauf dauerte 5 - 6 Stunden bei 1500 V, 40 mA, 25 W und einer Temperatur von 49°C.

Die in Abbildung 2.12 dargestellte 50-350bp große bp-Leiter der Firma Li-Cor beinhaltet 15 Banden mit der jeweiligen bp-Größe und eignet sich zur Größenbestimmung von amplifizierten DNA-Fragmenten durch SSR-Marker, die mit dem Li-Cor Sequenzierautomaten sichtbar gemacht wurden.

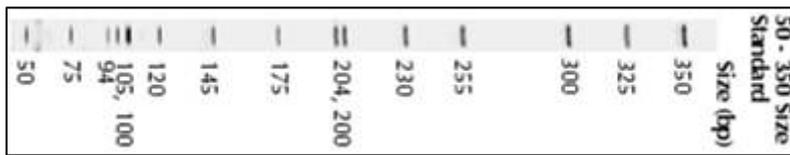


Abbildung 2.12 Auftrennungsmuster der bp-Leiter 4200-44 bzw. 400-44B der Firma Li-Cor ([www.licor.com](http://www.licor.com))

### **Stopmix**

Formamid	95%
NaOH	10mM
Fuchsin	0,05%

### **TBE-Puffer**

Tris	0,45M
Borsäure	10mM
EDTA	10mM
pH = 8,3	

### **Polyacrylamidgel (25cm)**

SequaGel XR	12ml
SequaGel Complete	3ml

### **10% Ammoniumpersulfat**

10% Ammoniumpersulfat	5g
H <sub>2</sub> O <sub>demin</sub>	ad 50ml

## **2.2.5 Auswertung des Bandenmusters der amplifizierten Allele**

Für jede Sorte wurde die Fragmentgröße der einzelnen mittels SSR-Marker amplifizierten Allele mit Hilfe der e-seq Software sichtbar gemacht. Die eigentliche Größenbestimmung der amplifizierten Allele erfolgte manuell.

## 2.3 Verfahren zur statistischen Auswertung der Versuchsergebnisse

Die statistische Auswertung der Versuchsergebnisse erfolgte durch verschiedene Methoden, die im Folgenden vorgestellt werden.

### 2.3.1 Ermittlung des Coefficient of Parentage (COP-Value)

Für die Ermittlung des COP-Values zwei verwandter Sorten müssen zunächst mehrere Annahmen gemacht werden. Eine Sorte aus einer bestimmten Kreuzung erhält hierbei jeweils die Hälfte der Gene der beiden Eltern. Haben zwei Sorten somit gemeinsame Eltern, haben sie rein statistisch an 50% der Genloci gleiche Allele (COP-Value = 0,5). Haben zwei Sorten hingegen nur einen gemeinsamen Großelter, so haben sie nur 25% der Genloci gemeinsam (COP-Value = 0,25). Bei zwei Sorten ohne gemeinsame Vorfahren ist demzufolge die Anzahl gemeinsamer Genloci gleich null (COP-Value = 0). Für eine direkte Selektion aus einer Sorte wird ein COP-Value = 0,75 angenommen.

Weitere Annahmen sind, dass alle Vorfahren **nicht** miteinander **verwandt** sind und alle Akzessionen homozygot und homogen sind.

### 2.3.2 Informationsgehalt von molekularen Markern – der „Polymorphic Information Content“ (PIC-Value)

Der Begriff „Polymorphic Information Content“ (PIC-Value) wurde ursprünglich von Bostein et al. (1980) im Bereich der Humangenetik eingeführt. Der PIC-Value beschreibt den Wert eines molekularen Markers zur Detektion von Polymorphismen innerhalb einer Population (oder wie in der vorliegenden Arbeit, einer Sammlung von Genbankakzessionen) in Abhängigkeit der Anzahl der detektierbaren Allele und ihrer Verteilungsfrequenz innerhalb der Population. In der vorliegenden Arbeit wurde der PIC-Value basierend auf der modifizierten Version nach Anderson et al. (1993) berechnet:

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

Hierbei entspricht  $n$  der Gesamtzahl der Allele (Banden), die von einem Mikrosatelliten innerhalb der 305 Akzessionen detektiert wurden und  $P_{ij}$  der Frequenz des  $j$ -ten Allels für den  $i$ -ten Marker.

### 2.3.3 Untersuchung der eindeutigen Identifikation und SSR-Markeranalyse mit Hilfe der Software NTSYSpc Vers. 2.02i

Für die Auswertung der SSR-Marker-Analyse wurde die Software NTSYSpc Version 2.02i (©1986 – 1998, Firma: Applied Biostatistics Inc.) verwendet. Nach dem Einlesen der, in Excel erstellten, binären Matrix in den Editor des Programms wurden die Werte mit Hilfe des Ähnlichkeitskoeffizienten  $S_{ij}$  (Dice-Index; Dice, 1945), der auf der Anzahl gemeinsamer Banden beruht (Abbildung 2.13), auf ihre genetische Ähnlichkeit (Similarity) hin untersucht. Aufgrund dieser Untersuchung ist es möglich, eine Abschätzung über die optimale Anzahl an SSR-Markern zur noch eindeutigen Identifizierung der Sorten zu machen. Der Dice-Index ist identisch mit der genetischen Distanz nach Nei und Li (1979).

		<b>j</b>			
		1	0		
<b>i</b>	1	<b>a</b>	<b>c</b>		
	0	<b>b</b>	<b>d</b>		

$$S_{ij} = \frac{2a}{2a + b + c}$$

**Abbildung 2.13 Darstellung der Berechnung des DICE – Koeffizienten (Dice, 1945; Nei und Li, 1979). Links Auswertung der Bandenmuster mittels einer „4-Felder-Tafel“, rechts Formel zu Berechnung der genetischen Ähnlichkeit ( $S_{ij}$ ).**

$S_{xy}$ : Similarity (genetische Ähnlichkeit)

**a:** Anzahl der Merkmale, die in i und j mit 1 ausgeprägt sind (1;1)

**b:** Anzahl der Merkmale, die in i mit 0 und in j mit 1 ausgeprägt sind (0;1)

**c:** Anzahl der Merkmale, die in i mit 1 und in j mit 0 ausgeprägt sind (1;0)

**d:** Anzahl der Merkmale die in i und in j mit 0 ausgeprägt sind (0;0).

### 2.3.4 Clusteranalyse

Der Begriff „Clusteranalyse“ wurde erstmals in einer Arbeit von Driver und Kroeber (1932) benutzt. Die heute aktuellen Cluster-Algorithmen gehen größtenteils auf die Autoren Tryon (1939), Ward (1963) und Johnson (1967) zurück. Diese drei Autoren verfolgen dabei ganz unterschiedliche Ansätze. Während Ward einen varianzanalytischen Ansatz verfolgt, stützt sich Tryon auf einen faktoranalytischen Ansatz und Johnson beschäftigt sich mit der multidimensionalen Skalierung. Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde der Ansatz von Ward herausgegriffen. Einen entscheidenden Impuls erhielt die clusteranalytische Forschung durch Sokal und Sneath (1963). Sokal und Sneath (1963) testeten die Anwendbarkeit verschiedener clusteranalytischer Techniken für den Einsatz in der Entwicklung biologischer Taxonomien.

Nach der Bestimmung der genetischen Ähnlichkeit mittels des DICE – Algorithmus wurde das Clustering mittels der SAHN (Sequential agglomerative hierarchical nested cluster analysis) Analyse nach Sneath and Sokal (1973) und Dunn and Everitt (1982) durchgeführt. Als Clustermethode wird die UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic average) – Methode verwendet, um ein Dendrogramm zu erstellen, das die Verwandtschaft der verschiedenen Muster untereinander illustriert.

### 2.3.5 Hauptkoordinatenanalyse (PCoA, Prouncupal Coordinate Analysis)

Eine andere Form der Darstellung der genetischen Ähnlichkeit ist die Hauptkoordinaten-Analyse (PCoA; Prouncupal Coordinate Analysis). Eine Hauptkoordinatenanalyse (principal coordinate analysis) basiert auf einer Vielzahl von Variablen, von denen nicht *a priori* bekannt ist, ob und vor allem in welcher Weise sie miteinander korreliert sind. Nach Brosius (1989) werden mit Hilfe einer Hauptkoordinatenanalyse Gruppen von Variablen untersucht, die durch eine „Hintergrundvariable“ charakterisiert werden können. Diese „Hintergrundvariablen“ werden auch Faktoren genannt. Ziel der Hauptkoordinatenanalyse ist es, den Grad der Komplexität, der durch eine Vielzahl von Variablen dargestellt wird, auf möglichst wenige Faktoren zu reduzieren.

Grundlage der Hauptkoordinatenanalyse ist die, durch den Dice-Algorithmus erstellte, Distanzmatrix. Der Vorteil gegenüber der Clusteranalyse liegt in der Hauptkoordinatenanalyse in der besseren Darstellung von großen Individuenzahlen, wohin gegen die Clusteranalyse (Dendrogramm) die individuellen genetischen Unterschiede der Muster distinkter darstellen kann.

Die Interpretation der Faktoren ergibt sich aus der Relation, die sie zu den Beobachtungsvariablen haben, für die sie die Hintergrundvariablen darstellen. Diese Daten lassen sich aus der Faktorenmatrix entnehmen. Hierbei zeigen große Faktorladungen eine große, kleine Faktorladungen

eine kleine Bedeutung eines Faktors für die entsprechende Variable an. Ein Faktor lässt sich dann leicht interpretieren, wenn einige Variablen wie z.B. Standort, Niederschlag oder Jahr, die gleiche Parameter aufweisen, hoch auf ihn laden und die anderen gleichzeitig nur gering. Im Umkehrschluss ist ein Faktor schwer zu interpretieren, wenn er zu allen Variablen eine gleich hohe Korrelation zeigt.

### 3. Ergebnisse

Im Rahmen der vorgelegten Arbeit soll ein minimaler Satz an Mikrosatelliten-Markern (SSR-Markern) erarbeitet werden, der eine eindeutige Identifizierung der untersuchten Sorten noch möglich macht. Dafür werden zunächst die Sorten mit allen ausgewählten Markern untersucht und auf Basis des „Polymorphic Information Content (PIC-Value)“ die SSR-Marker zu eindeutigen Identifikation eingegrenzt. Für diese Untersuchung wurden die Sorten in 4 Gruppen unterteilt, die aufgrund des Anbauverhaltens deutliche Unterschiede aufweisen:

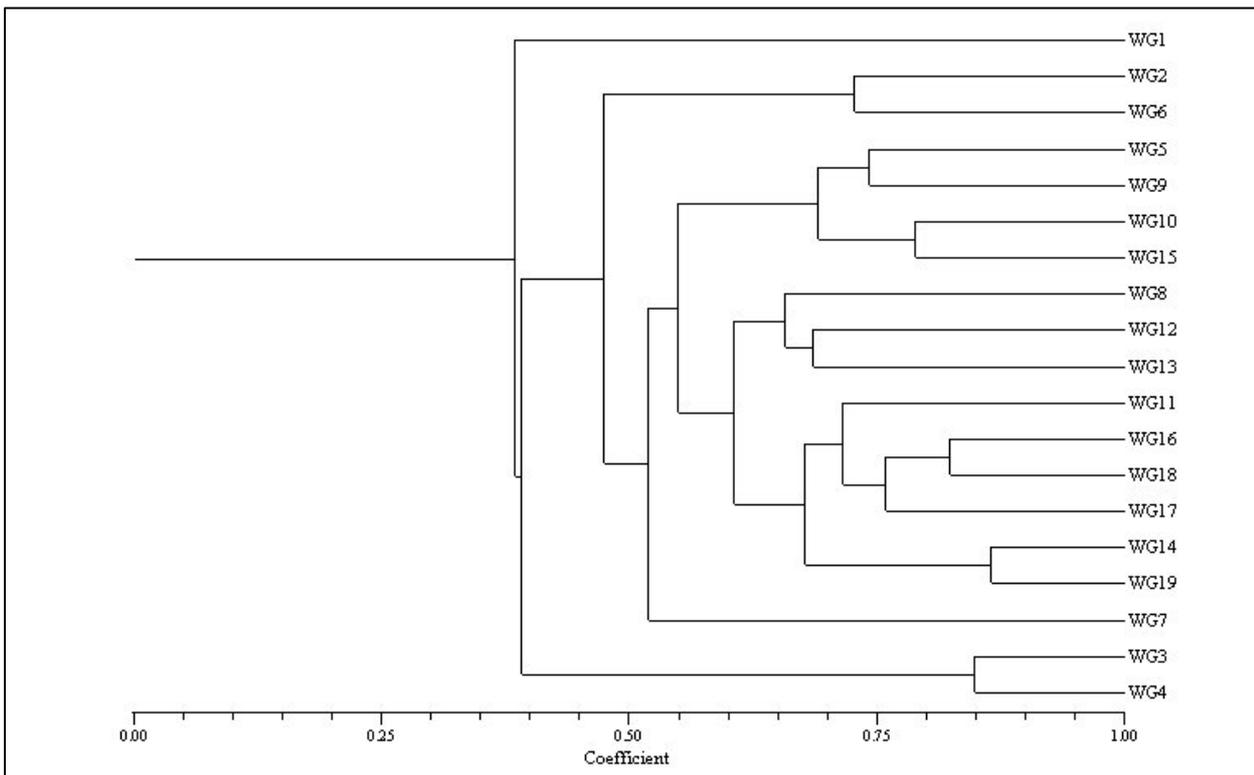
1. Wintergerste
2. Sommergerste
3. Winterweizen
4. Sommerweizen

Die Methode zur Minimierung der eingesetzten Marker wird zunächst ausführlich am Beispiel der Wintergerste beschrieben und dann äquivalent an den anderen Kulturarten durchgeführt.

#### 3.1 Eindeutige Identifikation der 19 Wintergerstensorten mit Hilfe der SSR-Marker-Technik

Ein wesentlicher Unterschied zu der möglichen Identifikation der Sorten auf Basis der morphologischen Merkmale liegt bei der SSR-Marker-Technik darin, dass der Arbeitsaufwand deutlich geringer ist und die Analyse zu einem Zeitpunkt durchgeführt werden kann, an dem morphologische Merkmale noch nicht ausgebildet sind. Zudem können auch eingelagerte Proben nachträglich untersucht und im Streitfall identifiziert werden. Ein weiterer Vorteil der SSR-Marker-Technik liegt darin, dass sich diese nicht auf getroffene Annahmen stützen. Dennoch handelt es sich bei dieser Darstellung um eine Schätzung der genetischen Diversität, da mit den verwendeten SSR-Markern nicht alle Genomabschnitte abgedeckt werden und auch mit den möglichen vorhandenen SSR-Markern nicht alle Unterschiede bzw. Gemeinsamkeiten aufgedeckt werden können. Dies ist aber auch nicht zwingend erforderlich, da mit Hilfe der Fingerprintanalyse die Sorten nur eindeutig identifiziert werden sollen und nicht bis ins Kleinste molekularbiologisch charakterisiert werden sollen.

Abbildung 3.1 zeigt das Dendrogramm, dass nach dem „average linkage“ Verfahren auf Basis von 18 SSR-Markern mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i erstellt wurde.



**Abbildung 3.1 Dendrogramm von 19 Wintergersten auf Basis von 18 SSR-Markern**

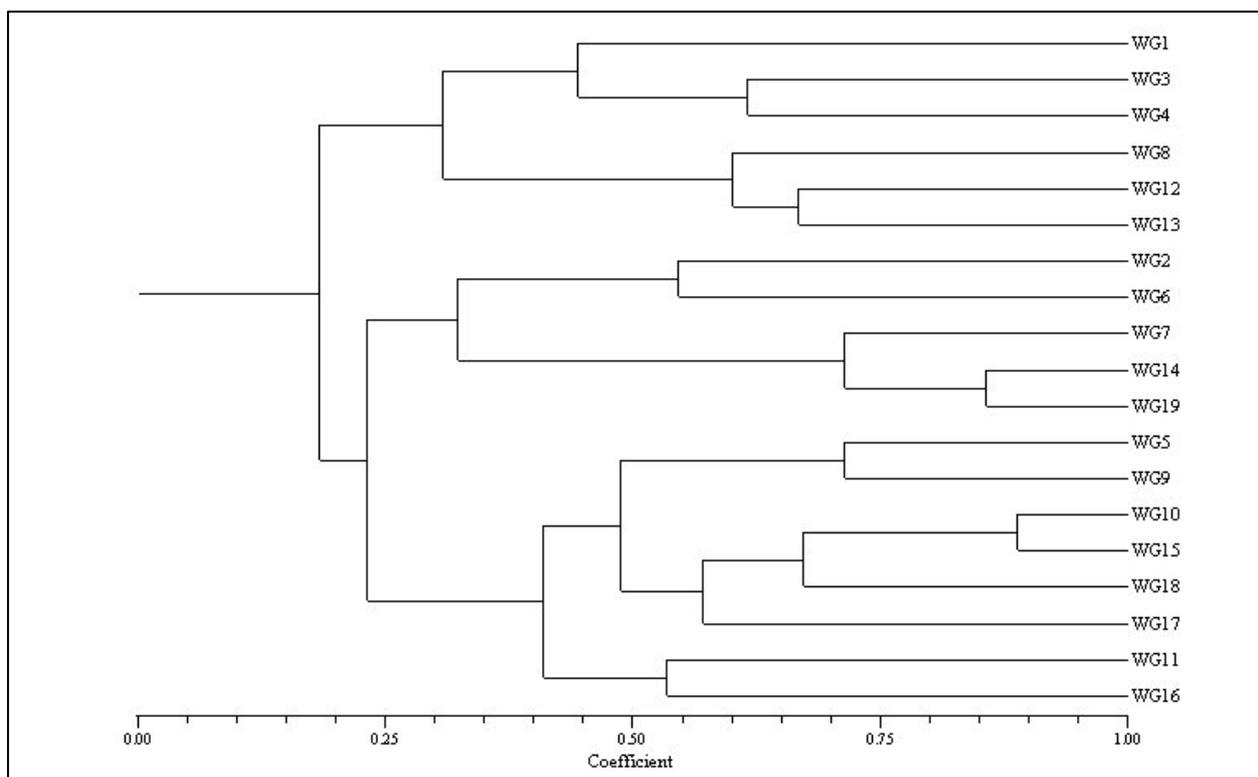
Um den zeitlichen Aufwand für die eindeutige Identifikation zu reduzieren, musste nun die Anzahl der SSR-Marker auf ein Minimum reduziert werden. Um hier eine Aussage über den Umfang treffen zu können wurden die PIC-Values der verwendeten SSR-Marker ermittelt.

MGB	Trivialname	Locus	Allele	PIC-Value
260	EBmac0705	3H	5	0.019
217	EBmac0701	4H	10	0.793
23	HVALAAT	1H	5	0.667
46	HVM36	2H	6	0.661
245	Bmac0156	7H	9	0.620
203	EBmac0415	2H	3	0.364
205	Bmac0209	3H	5	0.653
52	HVM54	2H	5	0.105
111	HVLTPPB	3H	4	0.099
209	Bmac0013	3H	9	0.349

210	EBmac0541	3H	8	0.188
228	Bmac0316	6H	8	0.357
247	HvOLE	4H	5	0.000
218	EBmac0788	4H	8	0.634
282	Bmag0579	1H	5	0.621
289	EBmac0635	4H	9	0.654
221	Bmac0337	5H	5	0.676
208	Bmag0225	3H	8	0.758

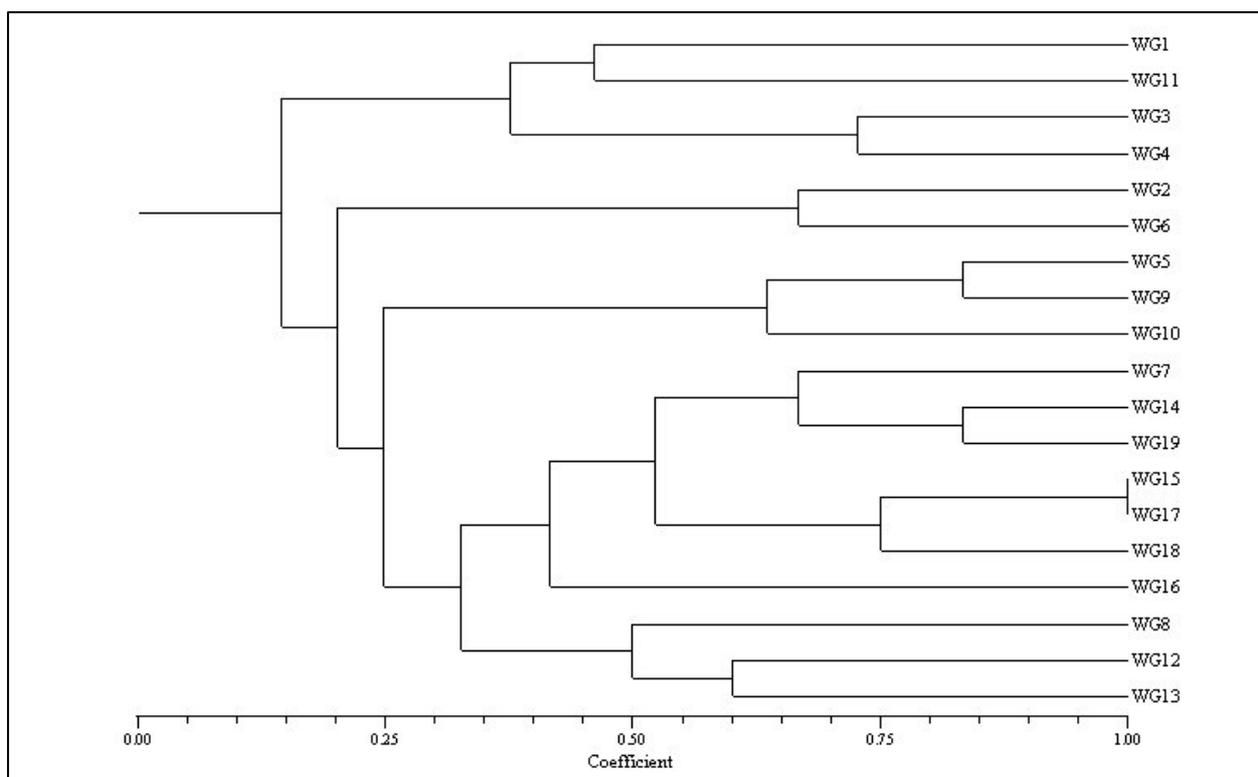
**Tabelle 3.1** Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) für 18 SSR-Marker für Wintergerste.

Für die weiteren Analysen wurden nun die SSR-Marker ausgewählt die einen PIC-Value größer 0,650 aufweisen. Diese Marker waren: **EBmac0701** (0.793), **HvALAAT** (0.667), **HVM36** (0.661), **Bmac0209** (0.653), **EBmac0635** (0.654), **Bmac0337** (0.676) und **Bmag0225** (0.758). Auch diese SSR-Marker wurden nach dem „average linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i verrechnet und als Dendrogramm dargestellt.



**Abbildung 3.2 Dendrogramm von 19 Wintergerstenmustern auf Basis von 7 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0.650**

Wie man in Abbildung 3.2 erkennt, sind die sieben ausgewählten SSR-Marker ausreichend, um die 19 Wintergerstensorten zu unterscheiden und damit im Umkehrschluss auch eindeutig aufgrund des Bandenmusters zu identifizieren. Um zu zeigen, dass hier tatsächlich die minimale Anzahl an SSR-Markern ausgewählt wurde, soll exemplarisch der Marker **Bmac0209** (0.653) für die Verrechnung weggelassen werden.



**Abbildung 3.3 Dendrogramm von 19 Wintergerstenmustern auf Basis von 6 SSR-Markern (ohne Bmac0209) mit einem PIC-Wert > 0.650**

Abbildung 3.3 zeigt nun, dass eine eindeutige Unterscheidung und somit eine eindeutige Identifizierung zwischen den beiden Sorten WG15 und WG17 nicht mehr möglich ist.

### 3.2 SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 19 Wintergerstensorten

Ausgehend von 18 SSR-Markern wurden 7 SSR-Marker (40%) ausgewählt, die zu einer eindeutigen Identifikation der 19 zu untersuchenden Wintergerstensorten führen.

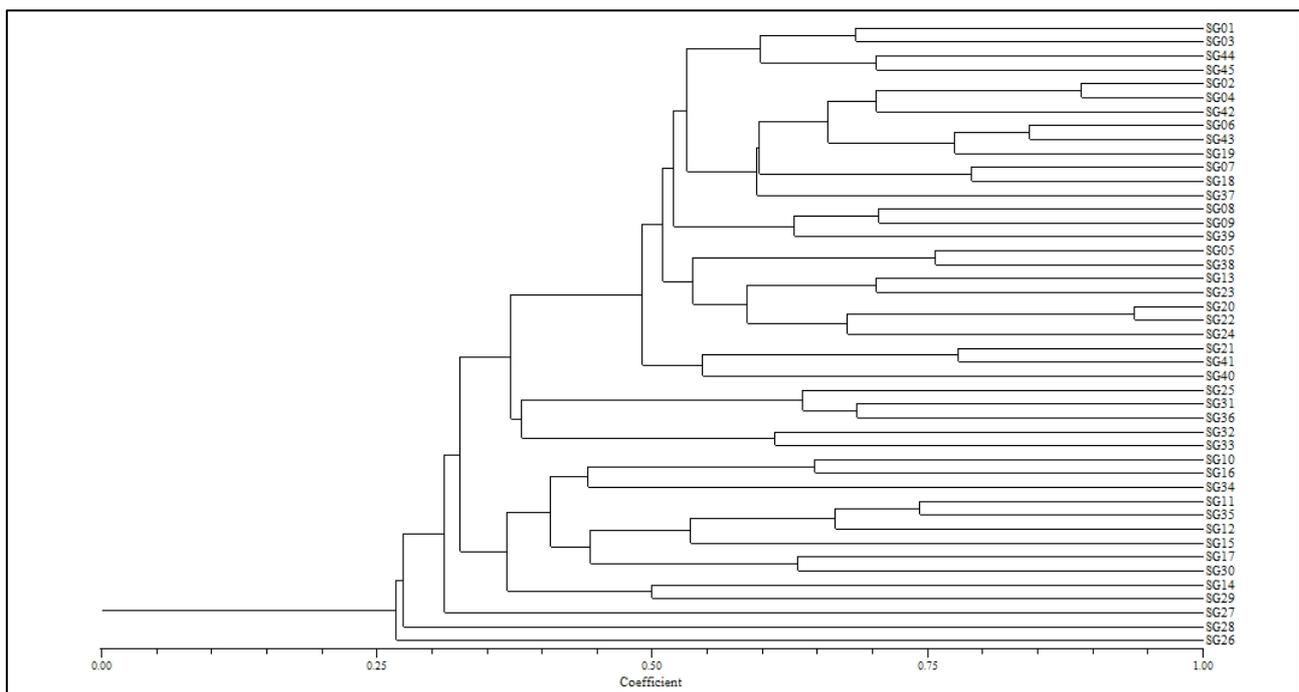
MGB	Trivialname	Locus	Allele	PIC-Value
217	EBmac0701	4H	10	0.793
23	HVALAAT	1H	5	0.667
46	HVM36	2H	6	0.661
205	Bmac0209	3H	5	0.653
289	EBmac0635	4H	9	0.654
221	Bmac0337	5H	5	0.676
208	Bmag0225	3H	8	0.758

**Tabelle 3.2** Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 19 Wintergerstensorten.

Diese können nun eingesetzt werden, um die im Projekt verwendeten Wintergerstensorten eindeutig zu identifizieren.

### 3.3 Eindeutige Identifikation der 45 Sommergerstensorten mit Hilfe der SSR-Marker-Technik

Wie bei der Wintergerste, wurden auch bei der Sommergerste zunächst alle 18 SSR-Marker in einer Clusteranalyse verrechnet und als Dendrogramm dargestellt (Abbildung 3.4). Man erkennt auch hier, eine distinkte Clusterung der Sommergerstensorten, die damit im Umkehrschluss auch mit Hilfe dieser Marker eindeutig zu identifizieren sind.



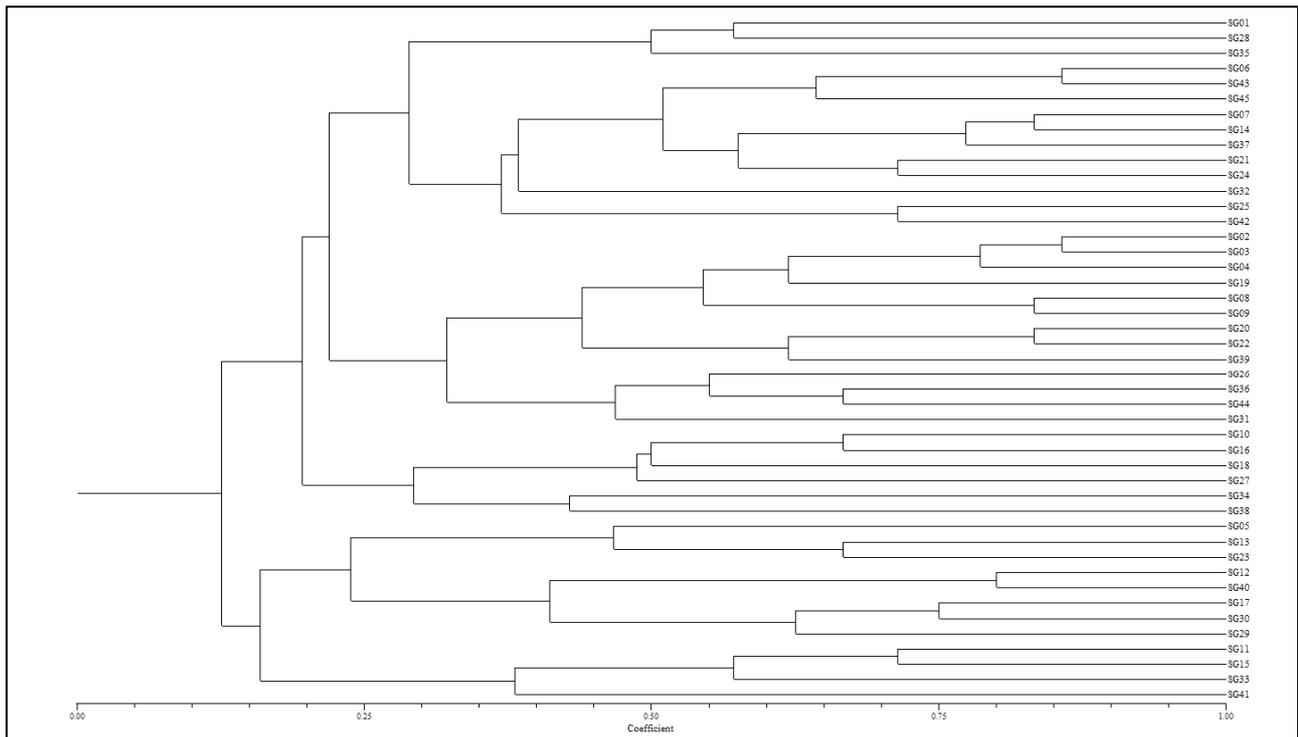
**Abbildung 3.4 Dendrogramm von 45 Sommergersten auf Basis von 18 SSR-Markern**

Um den zeitlichen Aufwand für die eindeutige Identifikation auch bei der Sommergerste zu reduzieren, musste ebenfalls die Anzahl der SSR-Marker auf ein Minimum reduziert werden. Um hier eine Aussage über den Umfang treffen zu können, wurden wieder die PIC-Values der verwendeten SSR-Marker ermittelt (Tabelle 3.3).

Für die weiteren Analysen wurden nun die SSR-Marker ausgewählt die einen PIC-Value größer 0,700 aufweisen. Diese Marker lauten: **EBmac0701** (0,755), **HVM36** (0,710), **Bmac0013** (0,770), **EBmac0788** (0,800), **EBmac0635** (0,807), **Bmac0337** (0,735) und **Bmac0225** (0,769). Auch diese SSR-Marker wurden nach dem „average linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i verrechnet und als Dendrogramm dargestellt.

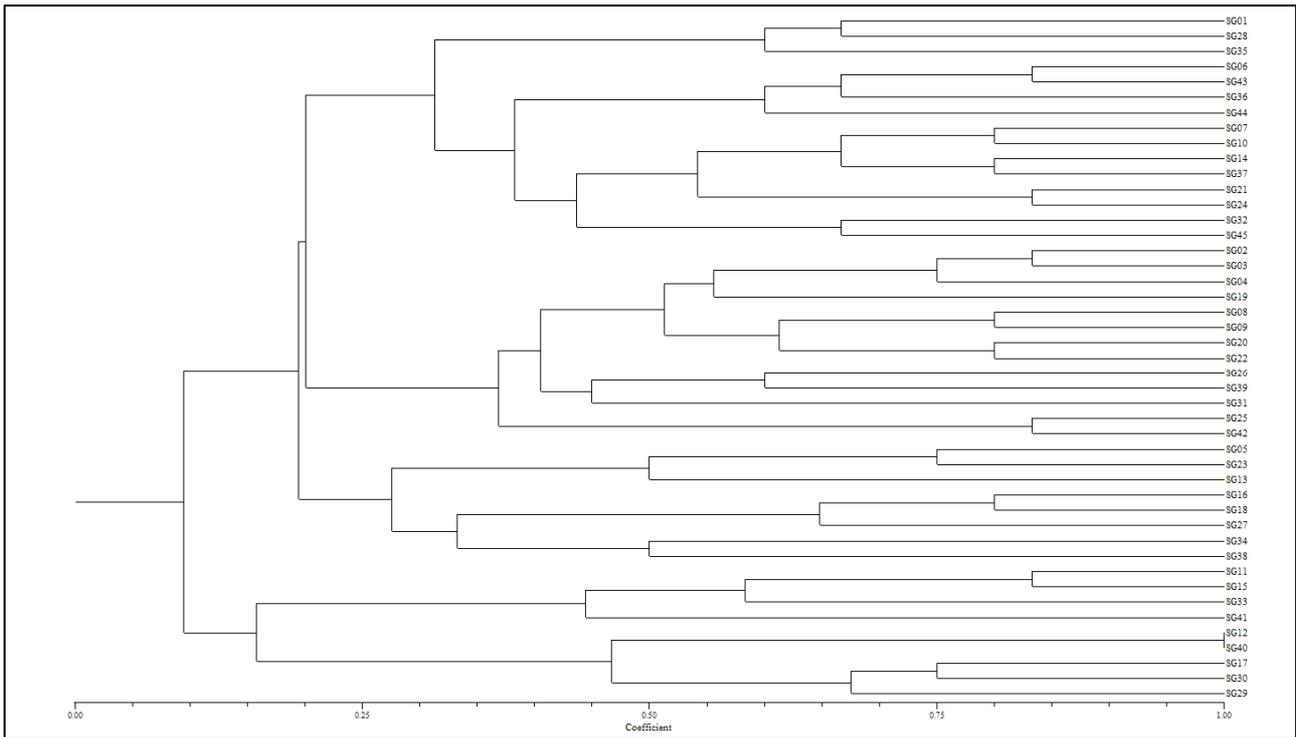
MGB	Trivialname	Locus	Allele	PIC-Value
260	EBmac0705	3H	5	0.485
217	EBmac0701	4H	10	0.755
23	HVALAAT	1H	5	0.526
46	HVM36	2H	6	0.710
245	Bmac0156	7H	9	0.651
203	EBmac0415	2H	3	0.492
205	Bmac0209	3H	5	0.663
52	HVM54	2H	5	0.395
111	HVLTPPB	3H	4	0.460
209	Bmac0013	3H	9	0.770
210	EBmac0541	3H	8	0.621
228	Bmac0316	6H	8	0.621
247	HvOLE	4H	5	0.177
218	EBmac0788	4H	8	0.800
282	Bmag0579	1H	5	0.539
289	EBmac0635	4H	9	0.807
221	Bmac0337	5H	5	0.735
208	Bmag0225	3H	8	0.769

**Tabelle 3.3** Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) für 18 SSR-Marker für Sommergerste.



**Abbildung 3.5 Dendrogramm von 45 Sommergerstensorten auf Basis von 7 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0.700**

Wie man in Abbildung 3.5 erkennt, sind die sieben ausgewählten SSR-Marker ausreichend, um die 45 Sommergerstensorten zu unterscheiden und damit im Umkehrschluss auch eindeutig aufgrund der amplifizierten Bandenmuster zu identifizieren. Um zu zeigen, dass hier tatsächlich die minimale Anzahl an SSR-Markern ausgewählt wurde, soll exemplarisch der Marker **HVM36** (0.710) für die Verrechnung weggelassen werden.



**Abbildung 3.6 Dendrogramm von 45 Sommergerstensorten auf Basis von 6 SSR-Markern (ohne HVM36) mit einem PIC-Wert > 0.700**

Abbildung 3.6 zeigt nun, dass eine eindeutige Unterscheidung und somit eine eindeutige Identifizierung zwischen den beiden Sorten SG12 und SG40 nicht mehr möglich ist. Auch für die anderen Marker konnte nachgewiesen werden, dass jeweils eine eindeutige Identifikation nicht mehr möglich war, wenn man jeweils eine wegließ.

### 3.4 SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 45 Sommergerstensorten

Ausgehend von 18 SSR-Marker wurden 7 SSR-Marker ausgewählt die zu einer eindeutigen Identifikation der 45 zu untersuchenden Sommergerstensorten führen.

MGB	Trivialname	Locus	Allele	PIC-Value
217	EBmac0701	4H	10	0.755
46	HVM36	2H	6	0.710
209	Bmac0013	3H	9	0.770
218	EBmac0788	4H	8	0.800
289	EBmac0635	4H	9	0.807
221	Bmac0337	5H	5	0.735
208	Bmag0225	3H	8	0.769

**Tabelle 3.4** Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 19 Sommergerstensorten.

Diese können nun eingesetzt werden, um die im Projekt verwendeten Sommergerstensorten eindeutig zu identifizieren.

### 3.5 Marker zur Identifizierung der Gerstensorten

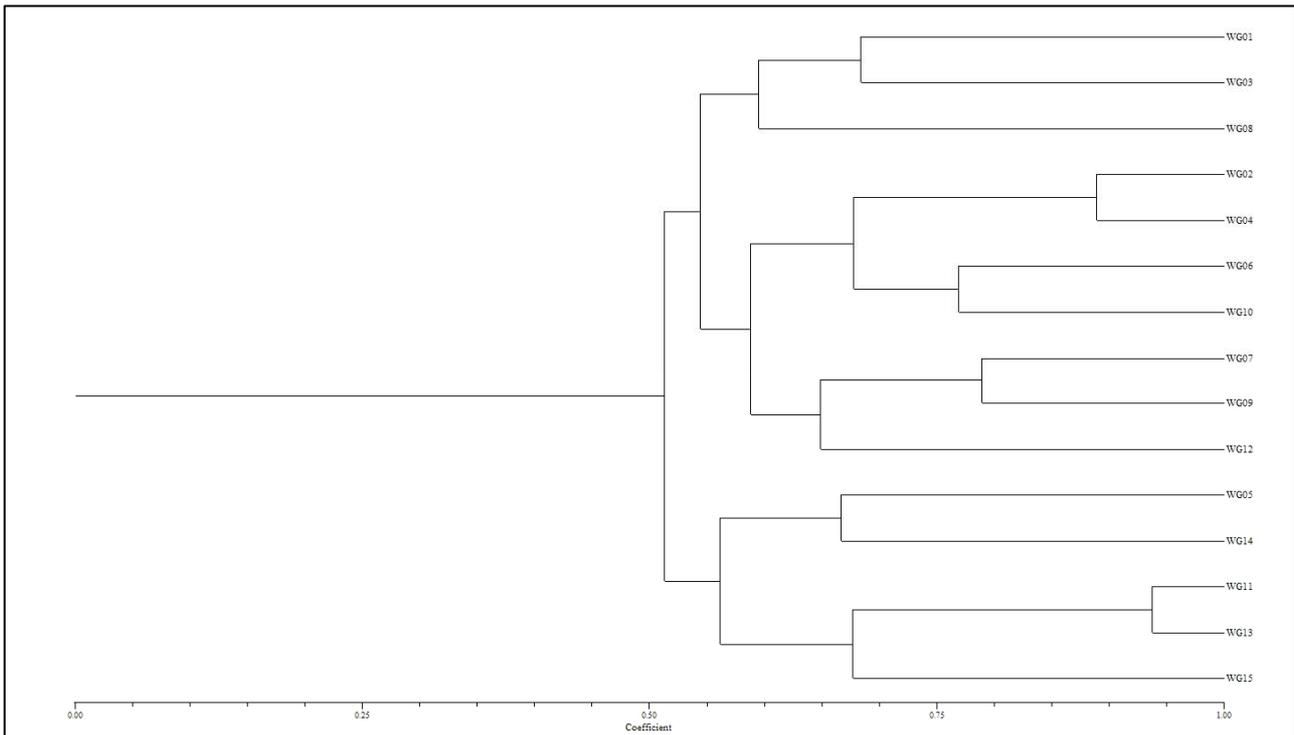
Um den Arbeitsaufwand zur eindeutigen Identifizierung zu minimieren, wurden folgende SSR-Marker ausgewählt. Mit diesen sind alle Gerstensorten eindeutig zu identifizieren. In der Tabelle 3.5 sind alle SSR-Marker aufgeführt, die zu einer eindeutigen Identifikation der Gerstenmuster beitragen. Viele Marker können dabei sowohl für die Identifikation der Sommer-, als auch der Wintergerstensorten angewendet werden. Lediglich die SSR-Marker Bmac0113 und EBmac0788 können nicht für die Identifikation der Wintergerste angewendet werden und die SSR-Marker HvALAAT und Bmac0209 können nicht für die Identifikation der Sommergerste verwendet werden. Aus der Tabelle 3.5 wird zudem deutlich, dass bis auf den SSR-Marker EBmac0701 alle SSR-Marker bei der Sommergerste höhere PIC-Values aufweisen, als bei der Wintergerste.

MGB	Trivialname	WG	SG	Locus	Allele	PIC WG	PIC SG
217	EBmac0701	+	+	4H	10	0.793	0.755
46	HVM36	+	+	2H	6	0.661	0.710
209	Bmac0013		+	3H	9	0.349	0.770
218	EBmac0788		+	4H	8	0.634	0.800
289	EBmac0635	+	+	4H	9	0.654	0.807
221	Bmac0337	+	+	5H	5	0.676	0.735
208	Bmag0225	+	+	3H	8	0.758	0.769
23	HVALAAT	+		1H	5	0.667	0.526
205	Bmac0209	+		3H	5	0.653	0.663

**Tabelle 3.5 SSR-Marker zur Identifikation der Gerstensorten**

### 3.6 Eindeutige Identifikation der 15 Winterweizensorten mit Hilfe der SSR-Marker-Technik

Wie bei den Gerstensorten, wurden auch beim Winterweizen zunächst alle 25 SSR-Marker in einer Clusteranalyse verrechnet und als Dendrogramm dargestellt (Abbildung 3.7). Man erkennt auch hier, eine distinkte Clusterung der Winterweizensorten, die damit im Umkehrschluss auch mit Hilfe dieser Marker eindeutig zu identifizieren sind.



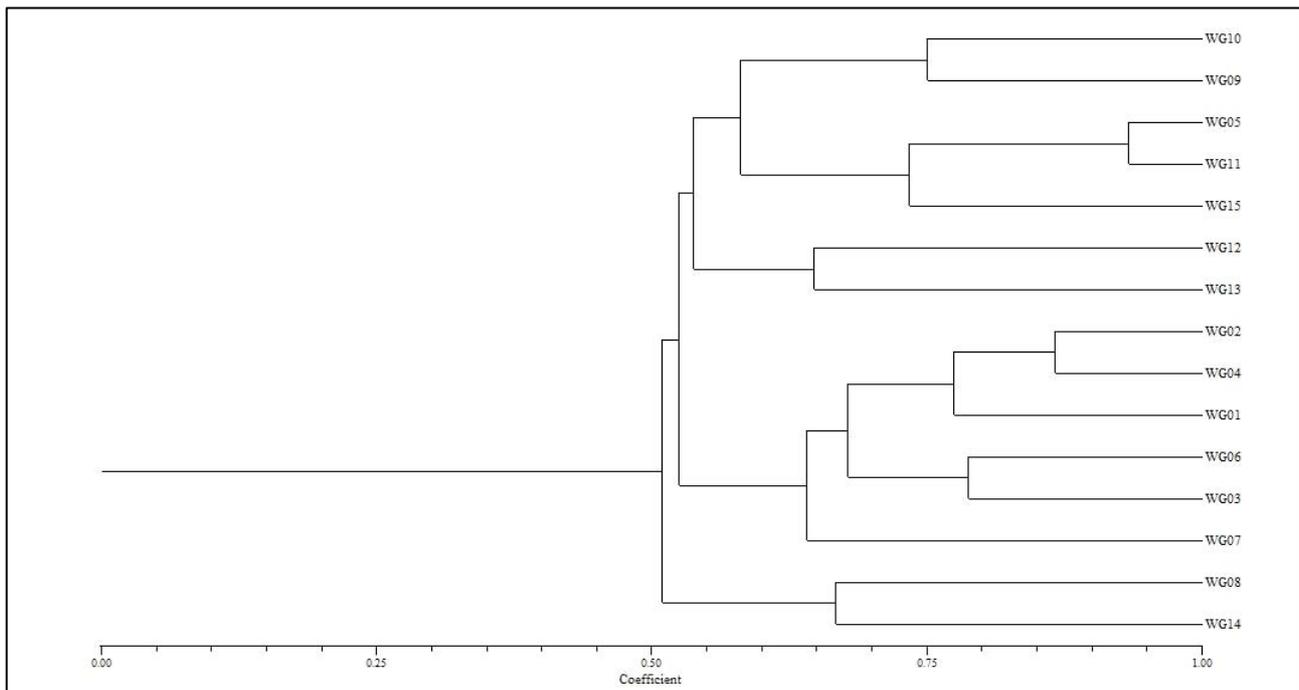
**Abbildung 3.7 Dendrogramm der 15 Winterweizensorten auf Basis der 25 Weizen-SSR-Marker.**

Um den zeitlichen Aufwand für die eindeutige Identifikation auch beim Winterweizen zu reduzieren, musste ebenfalls die Anzahl der SSR-Marker auf ein Minimum reduziert werden. Um hier eine Aussage über den Umfang treffen zu können, wurden wieder die PIC-Values der verwendeten SSR-Marker ermittelt (Tabelle 3.6).

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	PIC-Value
01	Xgwm 357	Chr. 1A	0.182
02	Xwmc 477	Chr. 2B	0.534
03	<b>Xgwm 272</b>	Chr. 5D	0.734
04	Xbarc 271	Chr. 1D	0.596
05	<b>Xgwm 356</b>	Chr. 2A	0.801
06	Xgwm 102	Chr. 2D	0.649
07	Xgwm155	Chr. 3A	0.686
08	<b>Xbarc 1118</b>	Chr. 4D	0.749
09	Xbarc 217	Chr. 4D	0.212
10	Xbarc 352	Chr. 7D	0.539
11	Xcfd 132	Chr. 6D	0.223
12	<b>Xbarc 149</b>	Chr. 1D	0.771
13	Xbarc 12	Chr. 3A	0.649
14	<b>Xgwm 320</b>	Chr. 2D	0.791
15	Xgwm 415	Chr. 5A	0.069
16	Xbarc 165	Chr. 5A	0.117
17	Xbarc 8	Chr. 1B	0.511
18	<b>Xgwm 427</b>	Chr. 6A	0.823
19	<b>Xbarc 170</b>	Chr. 4A	0.742
20	<b>Xbarc 322</b>	Chr. 5D	0.786
21	Xgwm 340	Chr. 3B	0.361
22	Xgwm 626	Chr. 6B	0.259
23	<b>Xgwm 232</b>	Chr. 1D	0.783
24	Xgwm 212	Chr. 5D	0.693
25	<b>Xgwm 437</b>	Chr. 7D	0.828

**Tabelle 3.6** Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) der 25 SSR-Marker für die 15 untersuchten Winterweizensorten.

Für die weiteren Analysen wurden nun die SSR-Marker ausgewählt die einen PIC-Value größer 0,700 aufweisen. Diese Marker lauten: **Xgwm272** (0,734), **Xgwm356** (0,801), **Xbarc1118** (0,749), **Xbarc149** (0,771), **Xgwm320** (0,791), **Xgwm427** (0,823), **Xbarc170** (0,742), **Xbarc322** (0,786), **Xgwm232** (0,783) und **Xgwm437** (0,828). Auch diese SSR-Marker wurden nach dem „average linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i verrechnet und als Dendrogramm dargestellt.



**Abbildung 3.8 Dendrogramm von 15 Winterweizensorten auf Basis von 10 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0,700.**

Wie man in Abbildung 3.8 erkennt, sind die zehn ausgewählten SSR-Marker ausreichend, um die 15 Winterweizensorten zu unterscheiden und damit im Umkehrschluss auch eindeutig aufgrund des Bandenmusters zu identifizieren.

### 3.7 SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 15 Winterweizensorten

Ausgehend von 25 SSR-Markern wurden 10 SSR-Marker ausgewählt, die zu einer eindeutigen Identifikation der 15 untersuchten Winterweizensorten angewendet werden können.

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	PIC-Value
03	<b>Xgwm 272</b>	Chr. 5D	0.734
05	<b>Xgwm 356</b>	Chr. 2A	0.801
08	<b>Xbarc 1118</b>	Chr. 4D	0.749
12	<b>Xbarc 149</b>	Chr. 1D	0.771
14	<b>Xgwm 320</b>	Chr. 2D	0.791
18	<b>Xgwm 427</b>	Chr. 6A	0.823
19	<b>Xbarc 170</b>	Chr. 4A	0.742
20	<b>Xbarc 322</b>	Chr. 5D	0.786
23	<b>Xgwm 232</b>	Chr. 1D	0.783
25	<b>Xgwm 437</b>	Chr. 7D	0.828

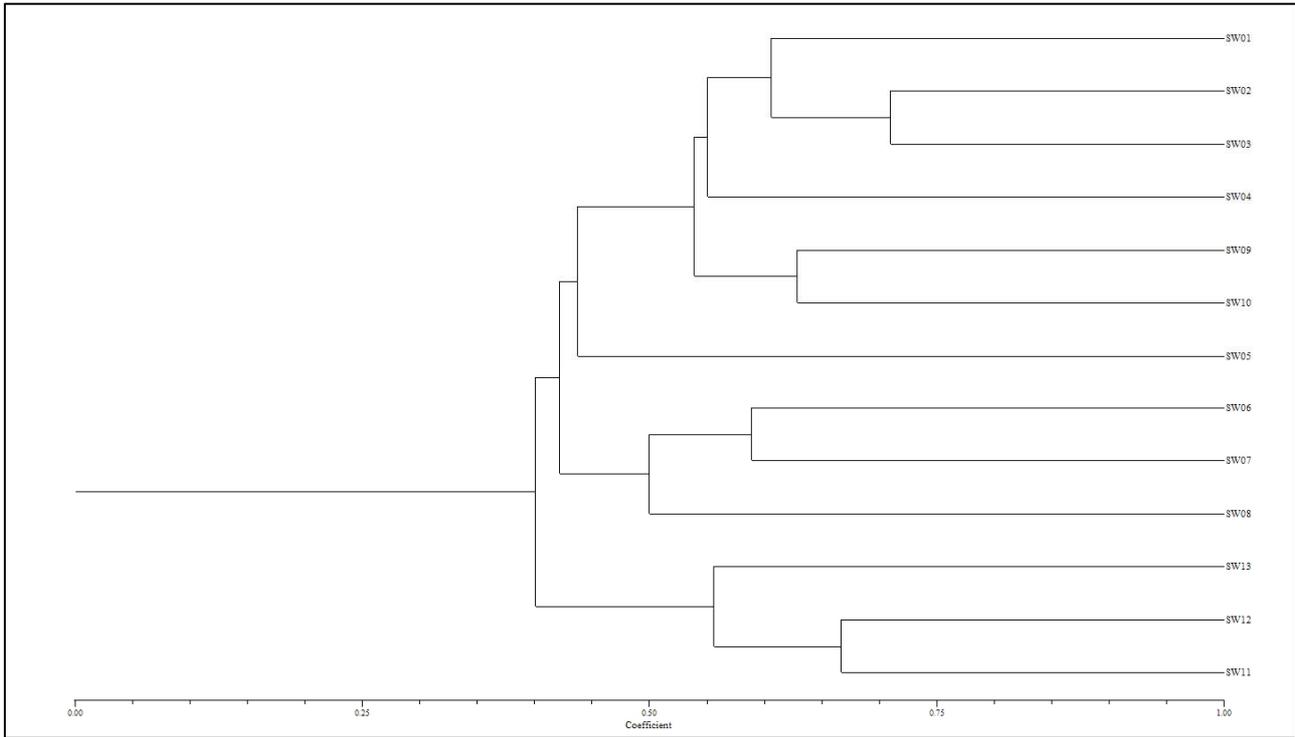
**Tabelle 3.7** Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 15 Winterweizensorten.

Die in Tabelle 3.7 aufgeführten SSR-Marker können nun eingesetzt werden, um die im Projekt untersuchten Winterweizensorten eindeutig zu identifizieren.

### 3.8 Eindeutige Identifikation der 13 Sommerweizensorten mit Hilfe der SSR-Marker-Technik

**Wie beim Winterweizen, wurden auch beim Sommerweizen zunächst alle 25 SSR-Marker in einer Clusteranalyse verrechnet und als Dendrogramm dargestellt (**

Abbildung 3.9). Man erkennt auch hier, eine distinkte Clusterung der Sommerweizensorten, die damit im Umkehrschluss auch mit Hilfe dieser Marker eindeutig zu identifizieren sind.



**Abbildung 3.9 Dendrogramm der 13 Sommerweizensorten auf Basis der 25 Weizen-SSR-Marker.**

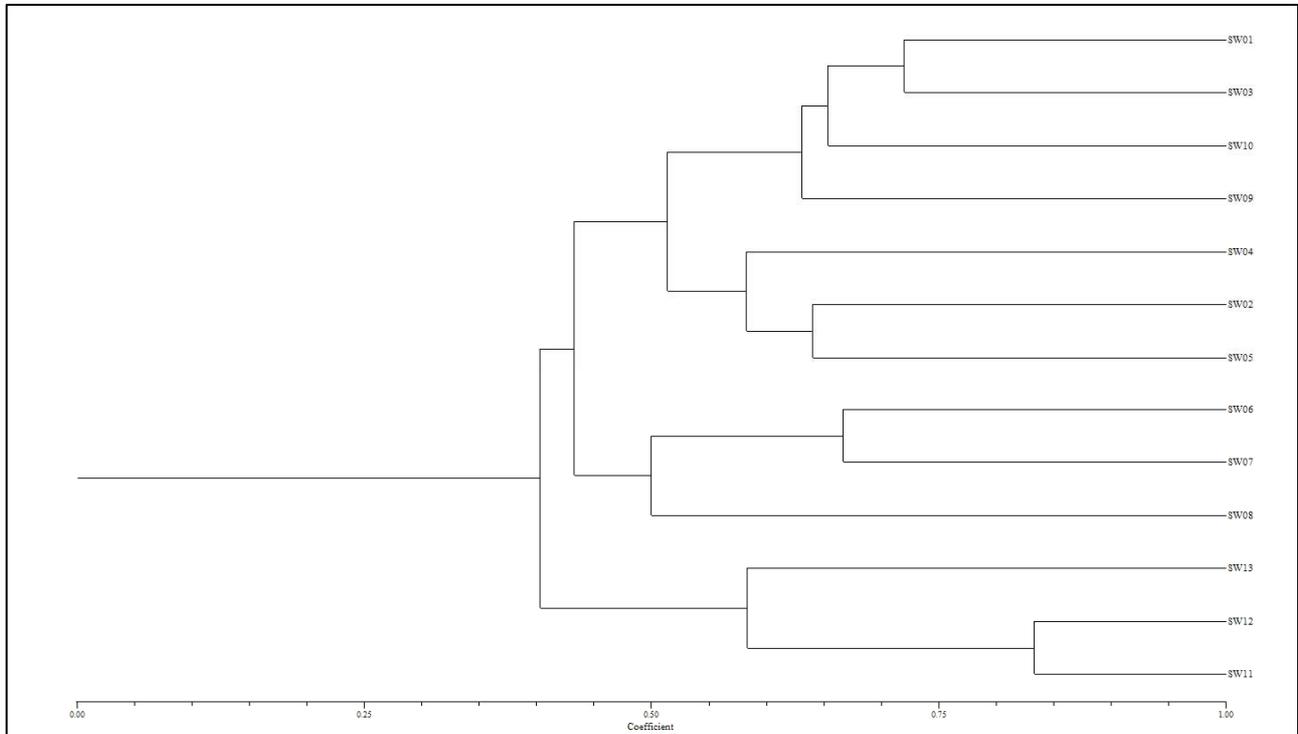
Um den zeitlichen Aufwand für die eindeutige Identifikation auch bei den Winterweizensorten zu reduzieren, musste ebenfalls die Anzahl der SSR-Marker auf ein Minimum reduziert werden. Um hier eine Aussage über den Umfang treffen zu können, wurden wieder die PIC-Values der verwendeten SSR-Marker für die Sommerweizensorten ermittelt (Tabelle 3.8).

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	PIC-Value
01	Xgwm 357	Chr. 1A	0.217
02	Xwmc 477	Chr. 2B	0.438
03	Xgwm 272	Chr. 5D	0.441
04	<b>Xbarc 271</b>	Chr. 1D	0.721
05	<b>Xgwm 356</b>	Chr. 2A	0.745
06	Xgwm 102	Chr. 2D	0.325
07	Xgwm155	Chr. 3A	0.417
08	<b>Xbarc 1118</b>	Chr. 4D	0.702
09	Xbarc 217	Chr. 4D	0.114
10	Xbarc 352	Chr. 7D	0.645
11	Xcfd 132	Chr. 6D	0.184
12	<b>Xbarc 149</b>	Chr. 1D	0.746
13	<b>Xbarc 12</b>	Chr. 3A	0.713
14	<b>Xgwm 320</b>	Chr. 2D	0.825
15	Xgwm 415	Chr. 5A	0.132
16	Xbarc 165	Chr. 5A	0.018
17	Xbarc 8	Chr. 1B	0.263
18	<b>Xgwm 427</b>	Chr. 6A	0.784
19	<b>Xbarc 170</b>	Chr. 4A	0.827
20	<b>Xbarc 322</b>	Chr. 5D	0.725
21	Xgwm 340	Chr. 3B	0.226
22	Xgwm 626	Chr. 6B	0.058
23	<b>Xgwm 232</b>	Chr. 1D	0.759
24	Xgwm 212	Chr. 5D	0.359
25	<b>Xgwm 437</b>	Chr. 7D	0.746

**Tabelle 3.8** Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) der 25 SSR-Marker für die 13 untersuchten Sommerweizensorten.

Für die weiteren Analysen wurden nun 11 SSR-Marker ausgewählt die einen PIC-Value größer 0,700 aufweisen. Diese Marker lauten: **Xbarc271** (0.721), **Xgwm356** (0.745), **Xbarc1118**

(0.702), **Xbarc149** (0.746), **Xbarc12** (0.713), **Xgwm320** (0.825), **Xgwm427** (0.784), **Xbarc170** (0.827), **Xbarc322** (0.725), **Xgwm232** (0.759) und **Xgwm437** (0.746). Auch diese SSR-Marker wurden nach dem „average linkage“ Verfahren mit Hilfe des Programms NTSYSpc Vers.2.02i verrechnet und als Dendrogramm dargestellt.



**Abbildung 3.10 Dendrogramm von 13 Sommerweizensorten auf Basis von 11 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0,700.**

Wie man in Abbildung 3.10 erkennt, sind die 11 ausgewählten SSR-Marker ausreichend, um die 13 Winterweizensorten zu unterscheiden und damit im Umkehrschluss auch eindeutig aufgrund des Bandenmusters zu identifizieren.

### 3.9 SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 13 Sommerweizensorten

Ausgehend von 25 SSR-Markern wurden 11 SSR-Marker ausgewählt, die zu einer eindeutigen Identifikation der 13 untersuchten Winterweizensorten angewendet werden können.

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	PIC-Value
04	<b>Xbarc 271</b>	Chr. 1D	0.721
05	<b>Xgwm 356</b>	Chr. 2A	0.745
08	<b>Xbarc 1118</b>	Chr. 4D	0.702
12	<b>Xbarc 149</b>	Chr. 1D	0.746
13	<b>Xbarc 12</b>	Chr. 3A	0.713
14	<b>Xgwm 320</b>	Chr. 2D	0.825
18	<b>Xgwm 427</b>	Chr. 6A	0.784
19	<b>Xbarc 170</b>	Chr. 4A	0.827
20	<b>Xbarc 322</b>	Chr. 5D	0.725
23	<b>Xgwm 232</b>	Chr. 1D	0.759
25	<b>Xgwm 437</b>	Chr. 7D	0.746

**Tabelle 3.9** Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 13 Sommerweizensorten.

Die in Tabelle 3.9 aufgeführten SSR-Marker können nun eingesetzt werden, um die im Projekt untersuchten Winterweizensorten eindeutig zu identifizieren.

### 3.10 Marker zur Identifizierung der Gerstensorten

Um den Arbeitsaufwand zur eindeutigen Identifizierung zu minimieren, wurden folgende SSR-Marker ausgewählt. Mit diesen sind alle Weizensorten eindeutig zu identifizieren. In der Tabelle 3.10 sind alle SSR-Marker aufgeführt, die zu einer eindeutigen Identifikation der Weizensorten beitragen. Viele Marker können dabei sowohl für die Identifikation der Sommer-, als auch der Winterweizensorten angewendet werden. Lediglich der SSR-Marker **Xbarc 271** und **Xbarc12** können nicht für die Identifikation des Winterweizens angewendet werden und der SSR-Marker **Xgwm272** kann nicht für die Identifikation des Sommerweizens verwendet werden.

Lauf.-Nr.:	Name	Chromosom	PIC WW	PIC SW
03	<b>Xgwm 272</b>	Chr. 5D	0.734	-
04	<b>Xbarc 271</b>	Chr. 1D	-	0.721
05	<b>Xgwm 356</b>	Chr. 2A	0.801	0.745
08	<b>Xbarc 1118</b>	Chr. 4D	0.749	0.702
12	<b>Xbarc 149</b>	Chr. 1D	0.771	0.746
13	<b>Xbarc 12</b>	Chr. 3A	-	0.713
14	<b>Xgwm 320</b>	Chr. 2D	0.791	0.825
18	<b>Xgwm 427</b>	Chr. 6A	0.823	0.784
19	<b>Xbarc 170</b>	Chr. 4A	0.742	0.827
20	<b>Xbarc 322</b>	Chr. 5D	0.786	0.725
23	<b>Xgwm 232</b>	Chr. 1D	0.783	0.759
25	<b>Xgwm 437</b>	Chr. 7D	0.828	0.746

**Tabelle 3.10 SSR-Marker zur Identifikation der Weizensorten**

### 3.11 Identifizierung der Getreidesorten auf Basis morphologischer Merkmale

Anders, als die Identifizierung der Getreidesorten auf Basis molekularer Marker, ist die Identifizierung auf Basis von morphologischen Merkmalen deutlich anfälliger für Fehler. Diese Annahme beruht auf der Tatsache, dass die morphologischen Merkmale einer Vielzahl von Faktoren unterliegen, die teilweise durch erhebliche Schwankungen geprägt sind.

Diese Faktoren sind in der Tabelle 3.11 für die morphologischen Merkmale und die molekularen Marker aufgeführt.

Molekulare Marker	Morphologische Merkmale
<ul style="list-style-type: none"> <li>• zeitlich unabhängig</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• zeitlichen Abhängigkeit durch den Vegetationszyklus</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• konstant</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• unkonstant, da teilweise stark beeinflussbar durch Umweltfaktoren</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• reproduzierbar</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• eingeschränkt reproduzierbar</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• geringer Zeitaufwand der Merkmalerhebung</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• hoher Zeitaufwand der Merkmalerhebung, da Merkmale über den gesamten Vegetationszyklus erfasst werden müssen</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• geringe individuelle Fehlerwahrscheinlichkeit</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• hohe individuelle Fehlerwahrscheinlichkeit</li> </ul>

**Tabelle 3.11 Vergleich der beeinflussenden Faktoren für eine Identifizierung der Getreidesorten auf Basis molekularer Marker und morphologischer Merkmale**

Bei der Gegenüberstellung dieser Faktoren wird deutlich, dass die molekularen Marker vorteilhaft gegenüber den morphologischen Merkmalen sind. Morphologische Marker stellen „Momentaufnahmen“ dar, die sowohl durch die Umweltfaktoren als auch durch künstliche Faktoren, wie Einsatz von Dünger oder Halmverkürzern beeinflusst werden können.

Im Folgenden werden die, während der Vegetationsperiode 2004/05 aufgenommenen taxonomischen und morphologischen Merkmale für die verschiedenen Getreidesorten aufgeführt, die für eine eindeutige Identifizierung auf der notwendig sind.

Hierbei sollte darauf hingewiesen werden, dass die Definition und die Identifikation von Sorten sehr umfassend ist und sie von der Definition des „Arbegriffes“ stark unterscheidet. Weitere Informationen hierzu sind in

„Allgemeine Einführung zur Prüfung auf Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit und Erarbeitung Harmonisierter Beschreibungen von Neuen Pflanzensorten" (UPOV-Übereinkommen)

Laut Artikel §7 der Akte von 1961/1972 und 1978 und Artikel §12 der Akte von 1991 des UPOV-Übereinkommens kann der Schutz einer neuen Sorte erst erteilt werden, nachdem eine Prüfung der Sorte nachgewiesen hat, dass sie den in diesen Akten verankerten Schutzvoraussetzungen entspricht, und insbesondere, dass die Sorte von jeder anderen Sorte, deren Vorhandensein am Tag der Einreichung des Antrags allgemein bekannt ist (nachstehend als „allgemein bekannte Sorte" bezeichnet), unterscheidbar (D – *distinct*), hinreichend homogen (U – *uniform*) und beständig (S – *stable*) ist, kurz als „DUS" bezeichnet. Die Prüfung oder „DUS-Prüfung" beruht hauptsächlich auf Anbauprüfungen, die von der für die Erteilung der Züchterrechte zuständigen Behörde oder getrennten Institutionen, wie öffentlichen Forschungsinstituten, die im Auftrag dieser Behörde handeln, oder in einzelnen Fällen aufgrund von Anbauprüfungen des Züchters durchgeführt werden. Die Prüfung führt zur Beschreibung der Sorte anhand ihrer maßgebenden Merkmale (beispielsweise Höhe der Pflanze, Form des Blattes, Zeitpunkt der Blüte), nach denen sie im Sinne von Artikel §1 Nummer VI der Akte von 1991 des Übereinkommens als Sorte definiert werden kann.

Das Artkonzept ist hingegen deutlich prägnanter gefasst:

Das biologische Artkonzept definiert eine Art als eine Gemeinschaft sich unter natürlichen Bedingungen miteinander fortpflanzender Lebewesen (*Biospezies*). Angehörige einer Art können unter natürlichen Bedingungen fruchtbare Nachkommen erzeugen.

### 3.12 Sortenbeschreibungen

#### Ayame Hadaka (SG01)

Ayame Hadaka; aus Japan stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 84cm, die Ährenlänge 5,4cm und die Grannenlänge 5,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 8mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 26g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

#### Weihenstephaner schwarze Nackte (SG02)

Weihenstephaner schwarze Nackte; aus Deutschland stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 102cm, die Ährenlänge 7,4cm und die Grannenlänge 13,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist lang.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 23g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 14 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Paradiesgerste (SG03)

Paradiesgerste; aus Deutschland stammende, unbespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 101cm, die Ährenlänge 10,4cm und die Grannenlänge 15,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 15mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 44g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 25 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Kleine schwarze Nackte (SG04)

Kleine schwarze Nacktgerste; aus Deutschland stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 111cm, die Ährenlänge 8,6cm und die Grannenlänge 15,1cm. Die Spelzenlänge beträgt 16mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 25g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Deutsche Hindukusch 35/36 Hochterr. Des mittl. Chitral A. (SG05)**

Deutsche Hindukusch 35/36 Hochterr. Des mittl. Chitral A.; aus der Türkei stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 111cm, die Ährenlänge 10,9cm und die Grannenlänge 15,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 25g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 14 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Heungdeog Naked (SG06)**

Heungdeog Naked; aus Korea stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 107cm, die Ährenlänge 5,2cm und die Grannenlänge 10,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 17mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 26g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 26 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Domezkower Paradies (SG07)**

Domezkower Paradies; aus Tschechien stammende, unbespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 117cm, die Ährenlänge 13,2cm und die Grannenlänge 15,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 27g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Black Hulless (SG08)**

Black Hulless; aus den USA stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 109cm, die Ährenlänge 7,0cm und die Grannenlänge 12,7cm. Die Spelzenlänge beträgt 16mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 17 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Karl-Joseph Müller (SG09)**

Karl-Joseph Müller; aus Deutschland stammende, unbespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 115cm, die Ährenlänge 13,0cm und die Grannenlänge 11,9cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 23g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 26 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Dr. Franks grannenabwerfende Imperialgerste (SG10)**

Dr. Franks grannenabwerfende Imperialgerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 119cm, die Ährenlänge 6,7cm und die Grannenlänge 12,5cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 47g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Ai-Tao (SG11)**

Ai-Tao; aus Japan stammende, unbespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 70cm, die Ährenlänge 6,0cm und die Grannenlänge 11,7cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als kurz zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 25g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 12 pro Ähre.



Ähren

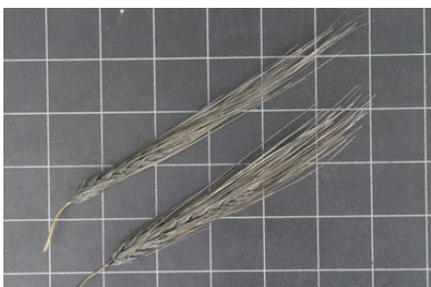


Karyopsen

**Kleine Schwarze I (SG12)**

Kleine Schwarze I; aus Deutschland stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 98cm, die Ährenlänge 7,2cm und die Grannenlänge 12,6cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 31g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Rimpaus Nackte (SG13)

Rimpaus Nackte; aus Deutschland stammende, unbespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 108cm, die Ährenlänge 12,1cm und die Grannenlänge 17,1cm. Die Spelzenlänge beträgt 13mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 25g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 19 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Tiroler Pfauengerste (SG14)

Tiroler Pfauengerste; aus Österreich stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 142cm, die Ährenlänge 8,4cm und die Grannenlänge 16,8 cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 51g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 36 pro Ähre.



Ähren

Karyopsen

### Heines Goldthorpe (SG15)

Heines Goldthorpe; aus England stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 112cm, die Ährenlänge 7,8cm und die Grannenlänge 15,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 32 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Oldenburger Landgerste (SG16)

Oldenburger Landgerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 122cm, die Ährenlänge 8,6cm und die Grannenlänge 18cm. Die Spelzenlänge beträgt 24mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 23 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Elo (SG17)**

Elo; aus der ehemaligen Deutschen Demokratische Republik (DDR) stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 106cm, die Ährenlänge 7,2cm und die Grannenlänge 14,7 cm. Die Spelzenlänge beträgt 7mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 40g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Russische Reisgerste I (SG18)**

Russische Reisgerste I; aus der ehemaligen Udssr stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 104cm, die Ährenlänge 9,1cm und die Grannenlänge 12,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 40g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 30 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Russische Reiserste II (SG19)

Russische Reiserste II; aus der ehemaligen Udssr stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 103cm, die Ährenlänge 11,4cm und die Grannenlänge 15,9cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 34 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Spiegelgerste (SG20)

Spiegelgerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 114cm, die Ährenlänge 9,1cm und die Grannenlänge 20,9cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 49g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 36 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Tibet 1938/39 Lhasa (SG21)**

Tibet 1938/39 Lhasa; aus China stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 80cm, die Ährenlänge 6,0cm und die Grannenlänge 1,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 13mm und die Rachilla ist als kurz zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 48g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 19 pro Ähre.



Ähren

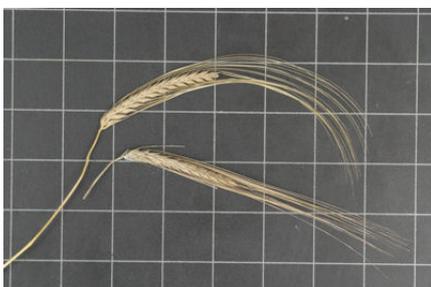


Karyopsen

**Derkado (SG22)**

Derkado; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 112cm, die Ährenlänge 10,8cm und die Grannenlänge 14,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 53g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 26 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Kanto Nijo 22 (SG23)**

Kanto Nijo 22; aus Japan stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 95cm, die Ährenlänge 6,9cm und die Grannenlänge 13,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 44g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 30 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Misato Golden (SG24)**

Misato Golden; aus Japan stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 6,5cm und die Grannenlänge 15,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Emir (SG25)**

Emir; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 80cm, die Ährenlänge 9,0cm und die Grannenlänge 12,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 30g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 32 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Heidesandgerste (SG26)**

Heidesandgerste; aus Deutschland stammende, unbespelzte, sechszeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 10,2cm und die Grannenlänge 13,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 23g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 32 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Schwarze G.V. Strube (SG27)

Schwarze G.V. Strube; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 11,0cm und die Grannenlänge 12,8cm. Die Spelzenlänge beträgt 13mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 40g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Peragis (SG28)

Peragis; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 87cm, die Ährenlänge 11,7cm und die Grannenlänge 13,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 30 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Alpine Pfauengerste (SG29)

Alpine Pfauengerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzhöhe beträgt 80cm, die Ährenlänge 10,4cm und die Grannenlänge 16,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 37g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 26 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Voldagsen (SG30)

Voldagsen; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 11,7cm und die Grannenlänge 16,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 47g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Aramir (SG31)**

Aramir; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 80cm, die Ährenlänge 9,3cm und die Grannenlänge 14,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Canidce (SG32)**

Canidce; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 80cm, die Ährenlänge 9,6cm und die Grannenlänge 14,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Kym (SG33)**

Kym; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 76cm, die Ährenlänge 11,1cm und die Grannenlänge 10,1cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 30 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Oberpfälzer (SG34)**

Oberpfälzer; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 95cm, die Ährenlänge 11,6cm und die Grannenlänge 13,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 33g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Reisgersten Linie II (SG35)

Reisgersten Linie II; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 97cm, die Ährenlänge 8,5cm und die Grannenlänge 14,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 37g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Camelot (SG36)

Camelot; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 92cm, die Ährenlänge 11,1cm und die Grannenlänge 13,8cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 37g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Dummersdorfer (SG37)

Dummersdorfer; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 10,7cm und die Grannenlänge 12,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 7mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 38g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Ingrid (SG38)

Ingrid; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 90cm, die Ährenlänge 8,2cm und die Grannenlänge 13,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 37g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Danubia (SG39)**

Danubia; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 90cm, die Ährenlänge 8,7cm und die Grannenlänge 10,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Jassener Land (SG40)**

Jassener Land; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 96cm, die Ährenlänge 9,3cm und die Grannenlänge 11,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 38g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Neuhaus Landgerste (SG41)**

Neuhaus Landgerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 105cm, die Ährenlänge 9,3cm und die Grannenlänge 17,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 40g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Contra (SG42)**

Contra; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 92cm, die Ährenlänge 8,8cm und die Grannenlänge 12,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 13mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 35g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Carina (SG43)**

Carina; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 87cm, die Ährenlänge 10,6cm und die Grannenlänge 12,7cm. Die Spelzenlänge beträgt 14mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Otis (SG44)**

Otis; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 95cm, die Ährenlänge 10,0cm und die Grannenlänge 13,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Cheri (SG45)**

Cheri; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Sommergerste. Geschlossener Felddaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 75cm, die Ährenlänge 9,2cm und die Grannenlänge 13,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Sommergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Perlweizen (SW01)**

Perlweizen; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Sommerweizen. Geschlossener Felddaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 98cm, die Ährenlänge 10,2cm.

Das TKM dieses Sommerweizens liegt bei 42g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Gelber Igel (SW02)

Gelber Igel; aus Deutschland stammender, mehrzeiliger begrannter Sommerweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 85cm, die Ährenlänge 5,8cm und die Grannenlänge 5,1cm.

Das TKM dieses Sommerweizens liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Stadlers Weißspelziger (SW03)

Stadlers Weißspelziger; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begrannter Sommerweizen. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzhöhe beträgt 105cm, die Ährenlänge 11,2cm und die Grannenlänge 4,2cm.

Das TKM dieses Sommerweizens liegt bei 46g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Dippes Bordeaux (SW04)**

Dippes Bordeaux; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begrannter Sommerweizen mit rötlich gefärbter Ähre. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 107cm, die Ährenlänge 13,2cm.

Das TKM dieses Sommerweizens liegt bei 44g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Roter Sommerkolben (SW05)**

Roter Sommerkolben; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Sommerdinkel. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 112cm, die Ährenlänge 13,5cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Schwarzer Bartspelz (SW06)

Schwarzer Bartspelz; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begannter Sommerdinkel mit schwarz gefärbter Ähre. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 118cm, die Ährenlänge 16,5cm und die Grannenlänge 5,2cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 42g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Roter Kolbenspelz (SW07)

Roter Kolbenspelz; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Sommerdinkel. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 107cm, die Ährenlänge 12,9cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 47g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Blauer samtiger Dinkel (SW08)

Blauer samtiger Dinkel; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begrannter Sommerdinkel mit schwarz-bläulicher Färbung der Ähren. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 117cm, die Ährenlänge 16,5cm und die Grannenlänge 5,6cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Löfflemmer (SW09)

Löfflemmer; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begrannter Sommeremmer. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 95cm, die Ährenlänge 7,2cm und die Grannenlänge 7,9cm .

Das TKM dieses Sommeremmers liegt bei 34g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

### Bajonettförmig begrannter Emmer (SW10)

Bajonettförmig begrannter Emmer; aus Deutschland stammender, zweizeiliger begrannter Sommeremmer. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 89cm, die Ährenlänge 7,8cm und die Grannenlänge 7,2cm.

Das TKM dieses Sommeremmers liegt bei 32g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

### Schwedisches Einkorn (SW11)

Schwedisches Einkorn; aus Schweden stammendes, zweizeiliges begranntes Sommereinkorn. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 5,9cm und die Grannenlänge 5,2cm.

Das TKM dieses Sommereinkorns liegt bei 28g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 26 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Schwarzes Einkorn (SW12)**

Schwarzes Einkorn; aus Deutschland stammendes, zweizeiliger begranntes Sommereinkorn mit schwarz gefärbten Ähren. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 5,8cm und die Grannenlängen 6,5cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 26g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Einkorn, Marokko (SW13)**

Einkorn, Marokko; aus Marokko stammendes, zweizeiliges begranntes Sommereinkorn. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 95cm, die Ährenlänge 5,4cm und die Grannenlänge 7,1cm.

Das TKM dieses Sommerdinkels liegt bei 27g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren

**Vulcan (WG01)**

Vulcan; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 6,5cm und die Grannenlänge 12,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Pamir (WG02)**

Pamir; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 86cm, die Ährenlänge 7,6cm und die Grannenlänge 12,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 50g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

### Engelens 6zlg. Wintergerste (WG03)

Engelens 6zlg. Wintergerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 97cm, die Ährenlänge 8,2cm und die Grannenlänge 13,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 7mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren

### Erfurt (WG04)

Erfurt; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 113cm, die Ährenlänge 6,9cm und die Grannenlänge 9,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 50g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Mammut (WG05)**

Mammut; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 120cm, die Ährenlänge 6,6cm und die Grannenlänge 11,0cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 38g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Carstens 2zlg. Wintergerste (WG06)**

Carstens 2zlg. Wintergerste; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 96cm, die Ährenlänge 6,3cm und die Grannenlänge 14,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Viola (WG07)**

Viola; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 97cm, die Ährenlänge 7,5cm und die Grannenlänge 12,6cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

**Eckendorfer Mammut (WG08)**

Eckendorfer Mammut; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 103cm, die Ährenlänge 6,9cm und die Grannenlänge 11,6cm. Die Spelzenlänge beträgt 8mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 46g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Barbo (WG09)**

Barbo; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 104cm, die Ährenlänge 7,4cm und die Grannenlänge 12,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

**Bollo (WG10)**

Bollo; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 107cm, die Ährenlänge 9,2cm und die Grannenlänge 10,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren

**Hord. Hex. Giganteum (WG11)**

Hord. Hex. Giganteum; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzhöhe beträgt 92cm, die Ährenlänge 5,8cm und die Grannenlänge 13,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 10mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 42g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.

**Carola (WG12)**

Carola; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 7,6cm und die Grannenlänge 12,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

**Nelly (WG13)**

Nelly; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 94cm, die Ährenlänge 6,0cm und die Grannenlänge 13,6cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Harmonika (WG14)**

Harmonika; aus Deutschland stammende, bespelzte, zweizeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 78cm, die Ährenlänge 6,7cm und die Grannenlänge 12,4cm. Die Spelzenlänge beträgt 9mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine mittlere Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Senta (WG15)**

Senta; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 99cm, die Ährenlänge 8,3cm und die Grannenlänge 10,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 8mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 38g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren

**Eiszapfen (WG16)**

Eiszapfen; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 117cm, die Ährenlänge 7,4cm und die Grannenlänge 10,2cm. Die Spelzenlänge beträgt 8mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 22 pro Ähre.



Ähren

**Banjo (WG17)**

Banjo; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 108cm, die Ährenlänge 6,5cm und die Grannenlänge 11,6cm. Die Spelzenlänge beträgt 12mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 44g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Auslese aus Vogelsanger Gold (WG18)**

Auslese aus Vogelsanger Gold; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 98cm, die Ährenlänge 4,1cm und die Grannenlänge 13,8cm. Die Spelzenlänge beträgt 13mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine hohe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren

**Express (WG19)**

Express; aus Deutschland stammende, bespelzte, sechszeilige Wintergerste. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben früh. Die Pflanzenhöhe beträgt 85cm, die Ährenlänge 6,3cm und die Grannenlänge 13,3cm. Die Spelzenlänge beträgt 11mm und die Rachilla ist als lang zu beschreiben.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 39g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Alter pommerscher Dickkopf (WW01)**

Alter pommerscher Dickkopf; aus Deutschland stammender, mehrzeiliger Winterweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 102cm, die Ährenlänge 4,0cm.

Das TKM dieser Wintergerste liegt bei 42g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren

**Roter sächsischer Landweizen (WW02)**

Roter sächsischer Landweizen; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 115cm, die Ährenlänge 9,2cm und die Grannenlänge 3,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 48g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Schweden (WW03)**

Schweden; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben sehr spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 8,8cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Ostpreussischer Eppweizen (WW04)

Ostpreussischer Eppweizen; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterweizen. Halb geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 8,2cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 20 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Landweizen aus Ottenkull (WW05)

Landweizen aus Ottenkull; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben sehr spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 8,0cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 52g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Dippes Triumph (WW06)**

Dippes Triumph; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterweizen. Geschlossener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 7,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 53g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 24 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Winteremmer (WW07)**

Winteremmer; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winteremmer. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 90cm, die Ährenlänge 6,2cm und die Grannenlänge 6,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 29g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 28 pro Ähre.



Ähre &amp; Karyopsen

**Roter Grannenspelz (WW08)**

Roter Grannenspelz; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterdinkel. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 14,3cm und die Grannenlänge 6,7cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 48g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren

**Kipphauser weisser Spelz (WW09)**

Kipphauser weisser Spelz; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterdinkel. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 13,2cm und die Grannenlänge 7,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 44g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 16 pro Ähre.



Ähren

### Vögelers Dinkel, weiss (WW10)

Vögelers Dinkel, weiss; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterdinkel. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzenhöhe beträgt 100cm, die Ährenlänge 8,2cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 38g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Heines Rauweizen (WW11)

Heines Rauweizen; aus Deutschland stammender, mehrzeiliger Winterrauhweizen mit stark verzweigten Ähren. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 12,2cm und die Grannenlänge 10,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 36g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 32 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Rivetts Grannenweizen (WW12)**

Rivetts Grannenweizen; aus Deutschland stammender, zweizeiliger Winterrauhweizen mit stark ausgebildeten Grannen. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzhöhe beträgt 110cm, die Ährenlänge 9,2cm und die Grannenlänge 10,3cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 40g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt 18 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

**Schwarzer Wunderweizen (WW13)**

Schwarzer Wunderweizen; aus der ehem. Udssr stammender, mehrzeiliger Winterrauhweizen mit stark verzweigten, schwarz gefärbten Ähren. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben spät. Die Pflanzhöhe beträgt 120cm, die Ährenlänge 12,2cm und die Grannenlänge 10,5cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 41g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt ca. 34 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Brauner Wunderweizen (WW14)

Brauner Wunderweizen; aus der ehem. Udssr stammender, mehrzeiliger Winterrauhweizen mit stark verzweigten, braun gefärbten Ähren. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 118cm, die Ährenlänge 10,2cm und die Grannenlänge 10,5cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 43g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt ca. 34 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

### Russischer Wunderweizen (WW15)

Russischer Wunderweizen; aus der ehem. Udssr stammender, mehrzeiliger Winterrauhweizen mit stark verzweigten, schwarz gefärbten Ähren. Offener Feldaufgang, Zeitpunkt Ährenschieben mittel. Die Pflanzenhöhe beträgt 130cm, die Ährenlänge 14,2cm und die Grannenlänge 11,5cm.

Das TKM dieses Winterweizens liegt bei 45g und die Sorte zeichnet sich durch eine geringe Spindelbrüchigkeit aus. Die Anzahl der Spindelstufen beträgt ca. 34 pro Ähre.



Ähren



Karyopsen

## 4. Diskussion

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit konnten verschiedene Verfahren der Datenevaluation auf ihre Anwendbarkeit hinsichtlich einer eindeutigen Identifikation von Weizen- und Gerstensorten untersucht und bewertet werden. Es wurde hierbei deutlich, dass die eindeutige Identifikation der Kulturpflanzensorten in einem zeitlich überschaubaren Rahmen nur mit Hilfe der SSR-Marker-Technik zu erreichen ist. Im Vergleich zu dieser Technik, ist die Evaluation von phänotypischen Daten zeitlich deutlich aufwändiger und zudem erst zu weit fortgeschrittenen Stadien der Vegetationsperiode anwendbar.

In Zeiten, wo das Geld in den öffentlichen Kassen knapp ist und weitgehend Personal abgebaut wird, liegt bei der Identifizierung der Sorten auf Basis molekularer SSR-Marker ein weiterer Vorteil, da hier der Arbeitsaufwand (Blattmaterial ernten, aufarbeiten, analysieren) deutlich geringer ist, als bei der Identifizierung auf Basis morphologischer Marker (Erhebung der Daten über die gesamte Vegetationsperiode zu verschiedenen EC-Stadien)

Aufgrund der Unabhängigkeit der SSR-Marker-Technik und der dauerhaften Lagerfähigkeit der DNA-Proben ist eine Identifikation der angebauten Kultursorten jeder Zeit unabhängig von der Vegetationsperiode möglich und kann bei juristischen Komplikationen herangezogen werden.

Die vorliegende Arbeit liefert hierfür mit der getätigten Markerauswahl eine Grundlage für die eindeutige Identifikation.

## 5. Literaturverzeichnis

- Anderson J.A., Churchill G.A., Autrique J.E., Tanksley S.D. and Sorrells M.E. (1993): Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, **36**: 181-186.
- Becker J. and Heun M. (1995) Barley microsatellites: allelic variation and mapping. *Plant Mol. Biol.* **27**: 835-845.
- Botstein D., White R.L., Skolnick M. and Davis R.W. (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am. J. Hum. Genet.* **32**: 314-331.
- Davila J.A., de la Hoz M.P.S., Loarce Y. and Ferrer E. (1998) The use of random amplified microsatellite polymorphic DNA and coefficients of parentage to determine genetic relationship in barley. *Genome* **41**: 477-486
- Diamond J. (1998) *Guns, germs and steel*. Vintage, London.
- Dice, L.R. (1945) Measures of the amount of ecological association between species. *Ecology*. **26**: 297-302.
- Driver H.E. und Kroeber A.L. (1932) Quantitative expression of cultural relationships. Univ. of California Publications in Archaeology and Ethnology **31**: 211-256.
- Dunn G. and Everitt. B. S. (1982) *An introduction to mathematical taxonomy*. Cambridge. New York. 152 pp.
- Ellis R.P., McNicol J.W., Baird E., Booth A., Lawrence P., Thomas B. and Powell W. (1997) The use of AFLPs to examine genetic relatedness in barley. *Mol. Breed.* **3**: 359-369.
- Fischbeck G. (1991) The evolution of cereal crop. *In*: Firbank L.G., Carter N., Darbyshire J.F., Potts G.R. (eds.) *The ecology of temperate cereal fields. The 32<sup>nd</sup> Symposium of the British Ecological Society with the association of Applied Biologist*. University of Cambridge: 31-54.
- Fischbeck G. (1992) Barley cultivar development in Europe – success in the past and possible changes in future. *In*: *Barley Genetics VI(II)*. Munksgaard, Copenhagen, pp. 885-901.
- Geisler G. (1980) *Pflanzenbau: Ein Lehrbuch – Biologische Grundlagen und Technik der Pflanzenproduktion*. Paul Parey, Berlin, Hamburg.
- Graner A., Ludwig W.F. and Melchinger A.E. (1994) Relationships among European barley germplasm. 2. Comparison of RFLP and pedigree data. *Crop Sci.* **34**: 1199-1205.
- Harlan J.R. (1992) *Crops and Man*. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin 2<sup>nd</sup> ed.
- Harlan J.R. und de Wet J.M.J. (1971) Toward a rational classification of cultivated plants. *Taxon* **20**: 509-517.
- Horsfall T.G. (1972) *Genetic vulnerability of major crops*. National Academy of Science. Washington D.C.
- Huang X.Q., Cöster H., Ganai M.W. and Röder M.S. (2003) Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* **106**: 1379-1389.
- Johnson S.C. (1967) Hierarchical clustering schemes. *Psychometrika*. **32**: 241-254.
- Ladizinsky G. (1999) *Plant Evolution under Domestication*. Kluwer Acad. Publishers. Dordrecht.

- Lee M. (1998) Genome projects and gene pools: New germplasm for plant breeding? Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America, **95**: 2001-2004.
- Liu Z.W., Biyashev R.M. und Saghai-Marooof M.A. (1996) Development of simple sequence repeat DNA markers and their integration into a barley linkage map. Theor. Appl. Genet., **93**: 869-876.
- Melchinger A.E., Graner A., Singh M. and Messmer M.M. (1994) Relationships between European barley germplasm. 1. Genetic diversity among winter and spring cultivars revealed by RFLPs. Crop Sci. **34**: 1191-1199.
- Parzies H.K., Spoor W., Ennos R.A. (2000) Genetic erosion of barley landrace accessions (*H.vulgare* ssp. *vulgare*) conserved for different lengths of time in *ex situ* genebanks. Heredity.
- Petit R.J., Mousadik A. el and Pons O. (1998) Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. Conservation Biology **12** (4): 844-855.
- Pillen K., Binder A., Kreuzkam B., Ramsey L., Waugh R., Förster J. und Leon J. (2000) Mapping EMBL-derived microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. Theo. Appl. Genet., **101**: 652-660.
- Powell W., Machray G. and Provan J. (1996) Polymorphism revealed by simple sequence repeats. Trends Plant Sci. **1**: 215-222.
- Rafalski A., Vogel M.J., Morgante M., Andre C. and Tingey S.V. (1996) Generating and using DNA markers in plants. In: Birren B. and Lai E. (eds.): Non-Mammalian Genome Analysis: A Practical Guide. Academic Press, London, pp. 75-134.
- Ramsey L., Macaulay M., degli Ivanissevich S., MacLean K., Cardle L., Fuller J., Edwards K.J., Tuveesson S., Morgante M., Massari A., Maestri E., Marmioli N., Sjakste T., Ganal M., Powell W., Waugh R. (2000) A simple sequence repeat-based linkage map of barley. Genetics **156**: 1997-2005.
- Rasch D. und Herrendörfer G. (1990) Handbuch der Populationsgenetik und Züchtungsmethodik. Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin.
- Reetz T.C. and Léon J. (2004) Conservation of genetical diversity in crops plants. Selection of a core collection in barley due to geographical origin, ancestry, morphology, quality, cultivation importance, and DNA-markeranalyses. (In German) Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL **119**.
- Russel J., Fuller J., Young G., Thomas B., Taramino G., Macaulay M., Waugh R. and Powell W. (1997b) Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers. Genome **40**: 442-450.
- Russel J.R., Ellis R.P., Thomas W.T.B., Waugh R., Provan J., Booth A., Fuller J., Lawrence P., Young G., Powell W. (2000) A retrospective analysis of spring barley germplasm development from 'foundation genotypes' to currently successful cultivars. Molecular Breeding. **6**: 553-568.
- Saghai-Marooof M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A. und Allard R.W. (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics in barley. Proc. Natl. Aced. Sci., **81**: 8014-8018.
- Saghai-Marooof M.A., Biyashev R.M., Yang G.P., Zhang Q. and Allard R.W. (1994) Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics. Proc. Natl. Acad. Sci. USA **91**: 5466-5470.
- Schut J.W., Qi X. and Stam P. (1997) Association between relationship measures based on AFLP markers, pedigree data and morphological traits in barley. Theor. Appl. Genet. **95**: 1161-1168.

- Smith B.D. (1995) The emergence of agriculture. Scientific American Library. New York.
- Sneath P.H.A. and Sokal R.R. (1973) Numerical Taxonomy. Freeman. San Francisco. 573 pp.
- Sokal R.R. und Sneath P.H.A. (1963) Principles of numerical taxonomy. Freeman. San Francisco.
- Sperlich (1988) Populationsgenetik. Fischer Verlag, Stuttgart.
- Struss D. and Plieske J. (1998) The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theor. Appl. Genet.* **97**: 308-315.
- Tryon R.C. (1939) Cluster Analysis. Ann Arbor: Edwards Brothers.
- Ward J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American statistical association.* **58**: 236-244.
- Waugh R., Bonar N., Baird E., Thomas B., Graner A., Hayes P. und Powell W. (1997) Homology of AFLP products in three mapping populations of barley. *Mol. Gen. Genet.*, **255**: 311-321.
- Williams E.K. und Talbot M. (1993) Alpha+ experimental designs for variety trails. CSIRO, Canberra and BioSS, Edinburgh.
- Zohary D. und Hopf M. (1993) Domestication of plants in the old world. The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. Clarendon Press, Oxford, England.

## 6. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1.1 Schematische Darstellung des Genpools der Getreidearten nach Harlan und de Wet (1971).....	4
Abbildung 1.2 Der fruchtbare Halbmond und die Verbreitungsgebiete von Gersten - Wildarten im vorderasiatischen Raum. Das Areal des Verbreitungsgebietes ist dunkel hervorgehoben (Geisler, 1980). .....	5
Abbildung 1.3 Schematische Darstellung des „genetic bottleneck“. Genetische Diversität, dargestellt durch verschiedene Symbole, geht bei jedem Verjüngungszyklus des Genbankmaterials verloren. Durch die <i>in situ</i> - Erhaltung kann dieser Verlust reduziert werden (modifiziert nach Parzies et al., 2000). .....	9
Abbildung 2.1 Mittlere Klimadaten des Standortes Bonn Poppelsdorf (1971 – 1995) .....	14
Abbildung 2.2 Versuchsanlage 2003/2004 im Versuchsfeld Poppelsdorf .....	15
Abbildung 2.3 Kornformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970). .....	17
Abbildung 2.4 Spelztyp bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970). .....	18
Abbildung 2.5 Ährenformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970). .....	18
Abbildung 2.6 Ährenformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970). .....	19
Abbildung 2.7 Begrannung bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970) .....	20
Abbildung 2.8 Grannenlänge bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970) .....	20
Abbildung 2.9 Spindelformen bei Gerste (aus Kriterien der Getreidearten einschließlich Mais und ihre Bewertung zur Sortenidentifizierung, 1970) .....	21
Abbildung 2.10 Kartierung der SSR-Marker auf der modifizierten Kopplungskarte <i>Lina x H. vulgare ssp. spontaneum</i> (Canada Park Population) nach Ramsey et al. (2000). Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit evaluierten SSR-Marker auf den 7 Gerstenchromosomen sind durch Unterstreichung kenntlich gemacht worden. Auf den Achsen ist die jeweilige Distanz in cM (Zentimorgan) dargestellt.....	26
Abbildung 2.11 Kopplungskarte der Weizen-Mikrosatelliten nach Huang et al. (2003) .....	30
Abbildung 2.12 Auftrennungsmuster der bp-Leiter 4200-44 bzw. 400-44B der Firma Li-Cor (www.licor.com) .....	34
Abbildung 2.13 Darstellung der Berechnung des DICE – Koeffizienten (Dice, 1945; Nei und Li, 1979). Links Auswertung der Bandenmuster mittels einer „4-Felder-Tafel“, rechts Formel zu Berechnung der genetischen Ähnlichkeit ( $S_{ij}$ ). .....	36
Abbildung 3.1 Dendrogramm von 19 Wintergersten auf Basis von 18 SSR-Markern.....	40
Abbildung 3.2 Dendrogramm von 19 Wintergerstenmustern auf Basis von 7 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0.650 .....	42
Abbildung 3.3 Dendrogramm von 19 Wintergerstenmustern auf Basis von 6 SSR-Markern (ohne Bmac0209) mit einem PIC-Wert > 0.650 .....	42

Abbildung 3.4 Dendrogramm von 45 Sommergersten auf Basis von 18 SSR-Markern .....	44
Abbildung 3.5 Dendrogramm von 45 Sommergerstensorten auf Basis von 7 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0.700 .....	46
Abbildung 3.6 Dendrogramm von 45 Sommergerstensorten auf Basis von 6 SSR-Markern (ohne HVM36) mit einem PIC-Wert > 0.700 .....	47
Abbildung 3.7 Dendrogramm der 15 Winterweizensorten auf Basis der 25 Weizen-SSR-Marker. .	50
Abbildung 3.8 Dendrogramm von 15 Winterweizensorten auf Basis von 10 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0,700. ....	52
Abbildung 3.9 Dendrogramm der 13 Sommerweizensorten auf Basis der 25 Weizen-SSR-Marker.	54
Abbildung 3.10 Dendrogramm von 13 Sommerweizensorten auf Basis von 11 SSR-Markern mit einem PIC-Value > 0,700. ....	56

## 7. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1.1 Systematik der Gerste ( <i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>vulgare</i> ) .....	2
Tabelle 1.2 Systematik des Weizen ( <i>Triticum aestivum</i> L.) .....	3
Tabelle 1.3 Systematik des Roggens ( <i>Secale cereale</i> L.) .....	4
Tabelle 2.1 Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur eindeutigen Identifizierung der Gerstensorten eingesetzt wurden. ....	24
Tabelle 2.2 Liste der untersuchten SSR-Marker, die zur eindeutigen Identifizierung der Weizensorten eingesetzt wurden. ....	31
Tabelle 2.3 Programmparameter zur Durchführung einer 'touch-down' PCR im Thermocycler (Biometra).....	32
Tabelle 3.1 Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) für 18 SSR-Marker für Wintergerste.....	41
Tabelle 3.2 Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 19 Wintergerstensorten. ....	43
Tabelle 3.3 Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) für 18 SSR-Marker für Sommergerste. ....	45
Tabelle 3.4 Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 19 Sommergerstensorten.....	48
Tabelle 3.5 SSR-Marker zur Identifikation der Gerstensorten .....	49
Tabelle 3.6 Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) der 25 SSR-Marker für die 15 untersuchten Winterweizensorten.....	51
Tabelle 3.7 Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 15 Winterweizensorten..	53
Tabelle 3.8 Ermittlung der PIC-Werte („polymorphic-information-content“) der 25 SSR-Marker für die 13 untersuchten Sommerweizensorten. ....	55
Tabelle 3.9 Ausgewählte SSR-Marker zur eindeutigen Identifikation der 13 Sommerweizensorten.....	57
Tabelle 3.10 SSR-Marker zur Identifikation der Weizensorten .....	58
Tabelle 9.1 Sortenliste der Sommerformen .....	114
Tabelle 9.2 Sortenliste der Winterformen.....	115

## 8. Abkürzungsverzeichnis

Abkürzung	Bedeutung	Erläuterung oder deutsche Übersetzung
AA, Aa, aa	Genotypen an einem Markerlocus in einer BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> -Population	„A“ bezeichnet das Kulturallel und „a“ das Wildallel in der Population
AFLP	„ <i>Amplified fragment length polymorphism</i> “	PCR-amplifizierter Fragmentlängenpolymorphismus (DNA-Marker)
bp	„ <i>Base pairs</i> “	Basenpaare
cDNA	„ <i>Complementary DNA</i> “	Komplementäre DNA
cM	Centi Morgan	Maßeinheit der genetischen Distanz
DH	„ <i>Doubled haploid</i> “	Doppelhaploide (homozygot diploide) Linie
DNA	„ <i>Deoxyribonucleic acid</i> “	Desoxyribonukleinsäure
GS	„ <i>Genetic similarity</i> “	Genetische Ähnlichkeit zwischen zwei Linien
<i>Hsp</i>	<i>Hordeum vulgare</i> ssp <i>spontaneum</i>	Wildformgerste
<i>Hv</i>	<i>Hordeum vulgare</i> ssp <i>vulgare</i>	Kulturgerste
kb	„ <i>Kilobase pairs</i> “	Kilobasenpaare
mRNA	„ <i>Messenger RNA</i> “	Boten-RNA
PCoA	„ <i>Principle coordinate analysis</i> “	Hauptkoordinatenanalyse
PCR	„ <i>Polymerase chain reaction</i> “	Polymerasekettenreaktion
PIC	„ <i>Polymorphic information content</i> “	Informationsgehalt eines Markers im Hinblick auf die Unterscheidbarkeit von Genotypen
RAPD	„ <i>Random amplified polymorphic DNA</i> “	Zufällig amplifizierte polymorphe DNA (DNA-Marker)
RFLP	„ <i>Restriction fragment length polymorphism</i> “	Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus (DNA-Marker)
RNA	„ <i>Ribonucleic acid</i> “	Ribonukleinsäure

## 9. Anhang

**Tabelle 9.1 Sortenliste der Sommerformen**

Ayame Hadaka	SG 01
Weihenstephaner schwarze Nackte	SG 02
Paradiesgerste	SG 03
kleine schwarze Nackte	SG 04
deu. Hindukusch 35/36 Hochterr. Des mittl. Chitral A.	SG 05
Heungdeog Naked	SG 06
Domezkower Paradies	SG 07
Black Hulless	SG 08
Karl-Joseph Müller	SG 09
Dr.Franks grannenabwerfende Imperialgerste	SG 10
Ai-Tao	SG 11
kleine Schwarze I	SG 12
Rimpaus Nackte	SG 13
Tiroler Pfauengerste	SG 14
Heines Goldthorpe	SG 15
Oldenburger Landgerste	SG 16
Elo	SG 17
Russische Reisgerste	SG 18
Russische Reisgerste	SG 19
Spiegelgerste	SG 20
Tibet 1938/39 Lhasa	SG 21
Derkado	SG 22
Kanto Nijo 22	SG 23
Misato Golden	SG 24
Emir (CCS010)	SG 25
Heidesandgerste (CCS141)	SG 26
Schwarze G.V. Strube (CCS083)	SG 27
Peragis (CCS081)	SG 28
Alpine Pfauengerste (CCS084)	SG 29
Voldagsen (CCS121)	SG 30
Aramir (CCS023)	SG 31
Candice (CCS049)	SG 32
Kym (CCS041)	SG 33
Oberpfälzer (CCS096)	SG 34
Reisgersten Linie II (CCS140)	SG 35
Camelot (CCS052)	SG 36
Dummersdorf (CCS086)	SG 37
Ingrid (CCS004)	SG 38
Danubia (CCS109)	SG 39
Jassener Land (CCS089)	SG 40
Neuhaus Landgerste (CCS095)	SG 41

Contra (CCS012)	SG 42
Carina (CCS018)	SG 43
Otis (CCS067)	SG 44
Cheri (CCS060)	SG 45
Perlweizen	SW01
Gelber Igel	SW02
Stadeler Weißspelziger	SW03
Dippes Bordeaux	SW04
Rote Sommerkolben (Dinkel)	SW05
Schwarzer Bartspelz (Dinkel)	SW06
Roter Kolbenspelz (Dinkel)	SW07
Blauer samtiger Dinkel (Dinkel)	SW08
Löfflemmer (Emmer)	SW09
Bajonettförmig begrannter Emmer (Emmer)	SW10
Schwedisches Einkorn (Einkorn)	SW11
Schwarzes Einkorn (Einkorn)	SW12
Einkorn, Marokko (Einkorn)	SW13

**Tabelle 9.2 Sortenliste der Winterformen**

alter pommerscher Dickkopf	WW01
roter sächsischer Landweizen	WW02
Schweden	WW03
ostpreussischer Eppweizen	WW04
Landweizen aus Ottenkull	WW05
Dippes Triumph	WW06
Winteremmer (Emmer)	WW07
Roter Grannenspelz (Dinkel)	WW08
Kippenhauser weisser Spelz (Dinkel)	WW09
Vögelers Dinkel, weiss (Dinkel)	WW10
Heines Rauhweizen (Rauhweizen)	WW11
Rivetts Grannenweizen (Rauhweizen)	WW12
schwarzer Wunderweizen (Rauhweizen)	WW13
brauner Wunderweizen (Rauhweizen)	WW14
russischer Wunderweizen (Rauhweizen)	WW15
Vulcan (Wintergerste)	WG 01
Pamir (Wintergerste)	WG 02
Engelens 6zlg. (Wintergerste)	WG 03
Erfurt (Wintergerste)	WG 04
Mammut (Wintergerste)	WG 05
Carstens 2zlg. (Wintergerste)	WG 06
Viola (Wintergerste)	WG 07
Eckendorfer Mammut (Wintergerste)	WG 08

Barbo (Wintergerste)	WG 09
Bollo (Wintergerste)	WG 10
Hordeum Hex. Giganteum (Wintergerste)	WG 11
Carola (Wintergerste)	WG 12
Nelly (Wintergerste)	WG 13
Harmonika (Wintergerste)	WG 14
Senta (Wintergerste)	WG 15
Eiszapfen (Wintergerste)	WG 16
Banjo (Wintergerste)	WG 17
Auslese aus Vogelsanger Gold (Wintergerste)	WG 18
Express (Wintergerste)	WG 19

## 10. Konsequenzen für eventuelle weitere Forschungsaktivitäten

Als Konsequenzen für weitere Forschungsaktivitäten ergeben sich folgende Möglichkeiten:

- Die, als erhaltungswürdig eingestuft, Sorten müssten in folgenden Forschungsaktivitäten in Großparzellen angebaut werden, um dort die Ertragsparameter im Vergleich zum realen Anbau ermitteln zu können. Dies war aufgrund der geringen Menge an Saatgut, das im Rahmen des Projektes nur vorlag, nicht möglich.
- In den Großparzellen sollte die Reaktion der Sorten auf verschiedene Schaderreger evaluiert werden.
- Um den Sorten einen kulturellen und wirtschaftlichen Erfolg zu „beschaffen“ sollten hier Vermarktungsmöglichkeiten und Vermarktungswege erschlossen werden, um diese Sorten für den Landwirt neben der Erstattung des Ertragsausfalls auch wirtschaftlich attraktiv zu gestalten. Hier sollte ein Modell von „Hofsorten“ entwickelt werden.

## 11. Danksagung

Herrn Prof. Dr. Jens Léon danke ich für die Überlassung des Themas und die Betreuung bei der Abfassung dieser Arbeit.

Den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung danke ich für die Zusammenarbeit und Hilfsbereitschaft, besonders durch den Einsatz in den Ernteperioden.

Auch Herrn Schulze von der Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen gilt mein Dank für die Unterstützung bei den Bonituren und für die lebhaften Diskussionen über den „Wert“ der untersuchten Sorten.

Weiterhin möchte ich mich für die leidenschaftliche Betreuung meiner Versuche durch die Mitarbeiter des Versuchsfeld „Poppelsdorf“ bedanken. Besonderer dank gilt hier den Versuchstechnikern Herrn Croé und Herrn Höckling.

Meiner Familie gilt sowohl ein moralischer Dank für die aufmunternden Worte, als auch für den steten Antrieb durch die Frage, wann die Arbeit endlich abgeschlossen sei. Frau Merle Noschinski möchte ich ebenfalls für die moralische Unterstützung und für die Hilfe bei der Korrektur der Arbeit danken.

Das Projekt wurde dreijährig durch den Lehr- und Forschungsschwerpunkt „Umweltverträgliche und Standortgerechte Landwirtschaft“ (USL) der Landwirtschaftlichen Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn unterstützt.